

<p>2004-489014/47</p> <p>B05 D16 E15 (D13)</p> <p>SUNGENE GMBH & CO KGAA</p> <p>2002.11.13 2002-1053112(+2002DE-1053112) (2004.06.03) C12N 9/02, A01H 5/00, C12N 15/53, C12P 23/00</p> <p>Production of ketocarotenoids with low hydroxylated by-product content, for use e.g. in pigmenting feedstuffs, by culturing genetically modified organisms having modified ketolase activity</p> <p>C2004-182265</p> <p>Addnl. Data: SAUER M, FLACHMANN R, KLEBSATTEL M, SCHOPFER C R</p>	<p>SUNG- 2002.11.13</p> <p>*DE 10253112-A1</p> <p>B(3-A, 4-E2E, 4-F1E, 4-F8E, 4-F9E, 4-F10E, 4-L5CE, 10-E4A, 10-F2) D(3-G1, 3-H1, 5-C, 5-H8, 5-H12B2, 5-H14A, 5-H14B3) E(10-E4C, 10-E4F, 10-F2A1, 11-M) 9</p> <p>specific sequence (A) of 258 aminoacids (given in the specification as SEQ. ID. NO. 2) or a sequence (A') derived from (A) by substitution, insertion or deletion of amino acids, provided that (A') has at least 42% homology with (A).</p> <p>INDEPENDENT CLAIMS are included for:</p> <ol style="list-style-type: none"> (1) genetically modified organisms which: <ol style="list-style-type: none"> (a) show increased KLA activity compared with wild strains (or into which KLA activity is introduced if the wild strain has no KLA activity), having KLA activity due to (II); and/or (b) contain at least one transgenic nucleic acid encoding (A) or (A') or at least two endogenous nucleic acid sequences encoding (II); (2) new ketolases (II'), which contain: <ol style="list-style-type: none"> (a) a specific sequence (Ai) of 262 aminoacids (SEQ. ID. NO. 8) or a sequence (Ai') derived from (Ai) by substitution, insertion or deletion, provided that (Ai') has at least 70% homology with (Ai) and that a specific sequence of 262 aminoacids (SEQ. ID. NO. 4) is excluded; (b) a specific sequence (Ai) of 253 aminoacids (SEQ. ID. NO. 6) or a
<p>NOVELTY</p> <p>Production of ketocarotenoids (I) involves culturing genetically modified organisms having modified ketolase (KLA) activity (compared with wild strains) due to a ketolase (II) containing a specific sequence (A) of 258 aminoacids (given in the specification as SEQ. ID. NO. 2) or a mutant sequence of (A), provided that (A') has at least 42% homology with (A).</p>	<p>DETAILED DESCRIPTION</p> <p>Production of ketocarotenoids (I) involves culturing genetically modified organisms having modified ketolase (KLA) activity (compared with wild strains) due to a ketolase (II) containing a</p>

<p>sequence (Aiii') derived from (Aii) by substitution, insertion or deletion, provided that (Aiii') has at least 70% homology with (Aii);</p> <p>(c) a specific sequence (Aiii') of 253 aminoacids (SEQ. ID. NO. 12) or a sequence (Aiii') derived from (Aiii) by substitution, insertion or deletion, provided that (Aiii') has at least 70% homology with (Aiii) and that SEQ. ID. NO. 4 is excluded; or</p> <p>(d) a specific sequence (Aiv) of 267 aminoacids (SEQ. ID. NO. 49) or a sequence (Aiv') derived from (Aiv) by substitution, insertion or deletion, provided that (Aiv') has at least 50% homology with (Aiv) and that a specific sequence of 267 aminoacids (SEQ. ID. NO. 47) is excluded, where all the sequences are defined in the specification;</p> <p>(3) nucleic acids encoding (II'), provided that a specific sequence of 762 bases (SEQ. ID. NO. 5; sequence defined in the specification) is excluded; and</p> <p>(4) the use as ketolase of proteins which contain SEQ. ID. NO. 4 (or a derived sequence having at least 70% homology with SEQ. ID. No. 4), SEQ. ID. NO. 6 (or a derived sequence having at least 65% homology with SEQ. ID. No. 6) or SEQ. ID. NO. 47 (or a derived sequence having at least 50% homology with SEQ. ID. No. 47) and show KLA activity, where all the sequences are defined in the specification.</p>	<p>USE (I) are natural antioxidants and pigments, especially useful (particularly in the case of (Ia)) as pigmenting additives in animal feed, specifically feed for trout, salmon or shrimps. The use of the (I)-producing genetically modified organisms (specifically microorganisms or plants) is claimed as feedstuffs or foodstuffs, in the production of (I)-containing extracts or for producing feed or food supplements.</p>
<p>ADVANTAGE The process provides large amounts of (I) having a low content of hydroxylated by-products, especially in the case of (Ia).</p> <p>SPECIFIC COMPOUNDS Eight compounds (I) are specifically claimed, e.g. astaxanthin (Ia).</p> <p>EXAMPLE DNA encoding the whole primary ketolase sequence from <i>Nostoc</i> sp. strain PCC7120 was isolated, amplified by PCR and used to produce a plasmid pNOSTF-G. A plasmid pMCL-Crt-YBZ/idi/gps,</p>	<p>DE 10253112-A+1</p>

2004-489014/47

for the synthesis of zeaxanthin in *Escherichia coli*, was constructed in 3 stages via the intermediate stages pMCL-CrtYIBZ and pMCL-CrtYIBX/idi, using the high copy number plasmid vector pMCL200. *Escherichia coli* strain TOP10 was transformed with the plasmids pNOSTF-G and pMCL-Crt-YIBZ/idi/gps to give carotenoid 491 producing strain, which provided a culture supernatant containing 491 ng/ml astaxanthin (1a), 186 ng/ml adonirubin and 120 ng canthaxanthin (i.e. the required ketocarotenoid (1a) as main product). For comparison, a supernatant obtained using a strain producing a ketolase from *Haematococcus pluvialis* gave a culture supernatant containing 13 ng/ml (1a), 102 ng/ml adoxanthin and 120 ng zeaxanthin (i.e. the hydroxylated by-product zeaxanthin as main product).

TECHNOLOGY FOCUS

Biotechnology - Preferred Organisms: The starting microorganisms produce carotenoids (naturally or by genetic supplementation), and are specifically microorganisms (especially bacteria, yeasts, algae or fungi) or plants. Specified in the claims are 23 preferred types of microorganisms (e.g. *Escherichia, Flavobacterium, Nostoc,*

Synechocystis, Hansenula, Fusarium and Dunaliella); 28 preferred families of plants (e.g. *Ranunculaceae, Cannabaceae, Brassicaceae, Amaranthaceae, Solanaceae and Lamiaceae*); and about 100 preferred genera of plants (e.g. *Acacia, Calendula, Gentiana, Helianthus, Linum, Rhododendron, Spartium and Zinnia*). Preferred Process: Nucleic acids encoding (II) are introduced into the host organisms, preferably nucleic acids containing a specific sequence of 777 bases (SEQ. ID. NO. 1) from *Nostoc* sp. strain PCC7120. The modified microorganisms additionally show elevated hydroxylase and/or β -cyclase activity, preferably due to expression of at least one nucleic acid encoding hydroxylase and/or β -cyclase, especially using:

- (a) a nucleic acid encoding a hydroxylase having specific sequence of 322 amino acids (SEQ. ID. NO. 16) (or a derived sequence having at least 20% homology), the nucleic acid preferably having a specific sequence of 1608 bases (SEQ. ID. NO. 15) from *Haematococcus pluvialis*; and/or
- (b) a nucleic acid encoding a β -cyclase having specific sequence of 500 aminoacids (SEQ. ID. NO. 18) (or a derived sequence having

DE 10253112-A+2

at least 20% homology), the nucleic acid preferably having a specific sequence of 1650 bases (SEQ. ID. NO. 17) from *Lycopersicon esculentum*.

All sequences are defined in the specification.

The genetically modified organism is cultured, the organism is harvested and (1) is recovered from the product.
(101pp2400DwgNo.06)

|DE 10253112-A3



(19)
Bundesrepublik Deutschland
Deutsches Patent- und Markenamt

(10) DE 102 53 112 A1 2004.06.03

(12)

Offenlegungsschrift

(21) Aktenzeichen: 102 53 112.9

(51) Int Cl.7: C12N 9/02

(22) Anmeldetag: 13.11.2002

C12N 15/53, C12P 23/00, A01H 5/00

(43) Offenlegungstag: 03.06.2004

(71) Anmelder:

SunGene GmbH & Co. KGaA, 06466 Gatersleben,
DE

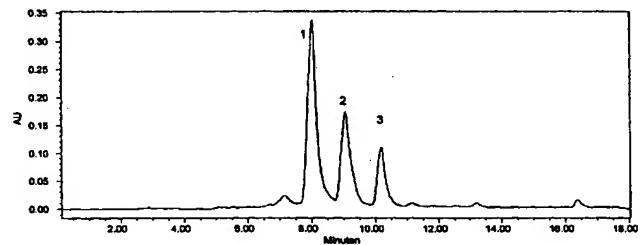
(72) Erfinder:

Sauer, Matt, Dr., 06484 Quedlinburg, DE;
Flachmann, Ralf, Dr., 06484 Quedlinburg, DE;
Klebsattel, Martin, 06484 Quedlinburg, DE;
Schopfer, Christel Renate, Dr., 06484 Quedlinburg,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

(54) Bezeichnung: Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden in genetisch veränderten Organismen

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, die genetisch veränderten Organismen sowie deren Verwendung als Nahrungs- und Futtermittel und zur Herstellung von Ketocarotinoidextrakten.



Beschreibung

[0001] Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, die genetisch veränderten Organismen, sowie deren Verwendung als Nahrungs- und Futtermittel und zur Herstellung von Ketocarotinoidextrakten.

[0002] Carotinoide werden *de novo* in Bakterien, Algen, Pilzen und Pflanzen synthetisiert. Ketocarotinoide, also Carotinoide, die mindestens eine Keto-Gruppe enthalten, wie beispielsweise Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinon, 3-Hydroxyechinon, 3'-Hydroxyechinon, Adonirubin und Adonixanthin sind natürliche Antioxidantien und Pigmente, die von einigen Algen und Mikroorganismen als Sekundärmetabolite produziert werden.

[0003] Aufgrund ihrer fargebenden Eigenschaften werden die Ketocarotinoide und insbesondere Astaxanthin als Pigmentierhilfsstoffe in der Tierernährung, insbesondere in der Forellen-, Lachs- und Shrimpszucht verwendet.

[0004] Die Herstellung von Astaxanthin erfolgt heutzutage größtenteils durch chemische Syntheseverfahren. Natürliche Ketocarotinoide, wie beispielsweise natürliches Astaxanthin, werden heutzutage in biotechnologischen Verfahren in kleinen Mengen durch Kultivierung von Algen, beispielsweise *Haematococcus pluvialis* oder durch Fermentation von gentechnologisch optimierten Mikroorganismen und anschließender Isolierung gewonnen.

[0005] Ein wirtschaftliches biotechnologisches Verfahren zur Herstellung von natürlichen Ketocarotinoiden ist daher von großer Bedeutung.

[0006] Nukleinsäuren kodierend eine Ketolase und die entsprechenden Proteinsequenzen sind aus verschiedenen Organismen isoliert und annotiert worden, wie beispielsweise Nukleinsäuren kodierend eine Ketolase aus *Agrobacterium aurantiacum* (EP 735 137, Accession NO: D58420), aus *Alcaligenes* sp. PC-1 (EP 735137, Accession NO: D58422), *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille und *Haematococcus pluvialis*, NIES-144 (EP 725137, WO 98/18910 und Lotan et al, FEBS Letters 1995, 364, 125–128, Accession NO: X86782 und D45881), *Paracoccus marcusii* (Accession NO: Y15112), *Synechocystis* sp. Strain PC6803 (Accession NO: NP_442491), *Bradyrhizobium* sp. (Accession NO: AF218415) und *Nostoc* sp. PCC 7120 (Kaneko et al, DNA Res. 2001, 8 (5), 205–213; Accession NO: AP003592, BAB74888).

[0007] EP 735 137 beschreibt die Herstellung von Xanthophyllen in Mikroorganismen, wie beispielsweise *E. coli* durch Einbringen von Ketolase-Genen (*crtW*) aus *Agrobacterium aurantiacum* oder *Alcaligenes* sp. PC-1 in Mikroorganismen.

[0008] Aus EP 725 137, WO 98/18910, Kajiwara et al. (Plant Mol. Biol. 1995, 29, 343–352) und Hirschberg et al. (FEBS Letters 1995, 364, 125–128) ist es bekannt, Astaxanthin durch Einbringen von Ketolase-Genen aus *Haematococcus pluvialis* (*crtW*, *crtO* oder *bkt*) in *E. coli* herzustellen.

[0009] Hirschberg et al. (FEBS Letters 1997, 404, 129–134) beschreiben die Herstellung von Astaxanthin in *Synechococcus* durch Einbringen von Ketolase-Genen (*crtO*) aus *Haematococcus pluvialis*. Sandmann et al. (Photochemistry and Photobiology 2001, 73 (5), 551–55) beschreiben ein analoges Verfahren, das jedoch zur Herstellung von Canthaxanthin führt und nur Spuren Astaxanthin liefert.

[0010] WO 98/18910 und Hirschberg et al. (Nature Biotechnology 2000, 18 (8), 888–892) beschreiben die Synthese von Ketocarotinoiden in Nektarien von Tabakblüten durch Einbringen des Ketolase-Gens aus *Haematococcus pluvialis* (*crtO*) in Tabak.

[0011] WO 01/20011 beschreibt ein DNA Konstrukt zur Produktion von Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin, in Samen von Ölsaatenpflanzen wie Raps, Sonnenblume, Sojabohne und Senf unter Verwendung eines Samen-spezifischen Promotors und einer Ketolase aus *Haematococcus pluvialis*.

[0012] Alle im Stand der Technik beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden und insbesondere die beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Astaxanthin weisen den Nachteil auf, daß die transgenen Organismen eine große Menge an hydroxylierten Nebenprodukten, wie beispielsweise Zeaxanthin und Adonixanthin liefern.

[0013] Der Erfindung lag daher die Aufgabe zugrunde, ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen zur Verfügung zu stellen, bzw. weitere genetisch veränderte Organismen, die Ketocarotinoide herstellen, zur Verfügung zu stellen, die die vorstehend beschriebenen Nachteile des Standes der Technik in geringerem Maße oder nicht mehr aufweisen.

[0014] Demgemäß wurde ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden gefunden, indem man genetisch veränderte Organismen kultiviert, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen und die veränderte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0015] Die erfindungsgemäßen Organismen wie beispielsweise Mikroorganismen oder Pflanzen sind vor-

zugsweise als Ausgangsorganismen natürlicherweise in der Lage, Carotinoide wie beispielsweise β -Carotin oder Zeaxanthin herzustellen, oder können durch genetische Veränderung, wie beispielsweise Umregulierung von Stoffwechselwegen oder Komplementierung in die Lage versetzt werden, Carotinoide wie beispielsweise β -Carotin oder Zeaxanthin herzustellen.

[0016] Einige Organismen sind als Ausgangs- oder Wildtyporganismen bereits in der Lage, Ketocarotinoide wie beispielsweise Astaxanthin oder Canthaxanthin herzustellen. Diese Organismen, wie beispielsweise *Haematococcus pluvialis*, *Paracoccus marcusii*, *Xanthophyllomyces dendrorhous*, *Bacillus circulans*, *Chlorococcum*, *Phaffia rhodozyma*, *Adonisröschen*, *Neochloris wimmeri*, *Protosiphon botryoides*, *Scotiellopsis oocystiformis*, *Scenedesmus vacuolatus*, *Chlorella zofingiensis*, *Ankistrodesmus braunii*, *Euglena sanguinea*, *Bacillus atrophaeus*, *Blakeslea* weisen bereits als Ausgangs- oder Wildtyporganismus eine Ketolase-Aktivität auf.

[0017] In einer Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden daher als Ausgangsorganismen Organismen verwendet, die bereits als Wildtyp oder Ausgangsorganismus eine Ketolaseaktivität aufweisen. In dieser Ausführungsform bewirkt die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp oder Ausgangsorganismus.

[0018] Unter Ketolase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Ketolase verstanden.

[0019] Unter einer Ketolase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Keto-Gruppe einzuführen.

[0020] Insbesondere wird unter einer Ketolase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Canthaxanthin umzuwandeln.

[0021] Dementsprechend wird unter Ketolase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase umgesetzte Menge β -Carotin bzw. gebildete Menge Canthaxanthin verstanden.

[0022] Bei einer erhöhten Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase die umgesetzte Menge β -Carotin bzw. die gebildete Menge Canthaxanthin erhöht.

[0023] Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Ketolase-Aktivität mindestens 5%, weiter bevorzugt mindestens 20%, weiter bevorzugt mindestens 50%, weiter bevorzugt mindestens 100%, bevorzugter mindestens 300%, noch bevorzugter mindestens 500%, insbesondere mindestens 600% der Ketolase-Aktivität des Wildtyps.

[0024] Unter dem Begriff "Wildtyp" wird erfindungsgemäß der entsprechende Ausgangsorganismus verstanden.

[0025] Je nach Zusammenhang kann unter dem Begriff "Organismus" der Ausgangsorganismus (Wildtyp) oder ein erfindungsgemäßer, genetisch veränderter Organismus oder beides verstanden werden.

[0026] Vorzugsweise und insbesondere in Fällen, in denen der Organismus oder der Wildtyp nicht eindeutig zugeordnet werden kann, wird unter "Wildtyp" für die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der β -Cyclase-Aktivität und die Erhöhung des Gehalts an Ketocarotinoiden jeweils ein Referenzorganismus verstanden.

[0027] Dieser Referenzorganismus ist für Mikroorganismen, die bereits als Wildtyp eine Ketolase Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Haematococcus pluvialis*.

[0028] Dieser Referenzorganismus ist für Mikroorganismen, die als Wildtyp keine Ketolase Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Blakeslea*.

[0029] Dieser Referenzorganismus ist für Pflanzen, die bereits als Wildtyp eine Ketolase-Aktivität aufweisen, vorzugsweise *Adonis aestivalis*, *Adonis flammeus* oder *Adonis annuus*, besonders bevorzugt *Adonis aestivalis*.

[0030] Dieser Referenzorganismus ist für Pflanzen, die als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität in Blütenblätter aufweisen, vorzugsweise *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Tagetes lucida*, *Tagetes pringlei*, *Tagetes palmeri*, *Tagetes minuta* oder *Tagetes campanulata*, besonders bevorzugt *Tagetes erecta*.

[0031] Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

[0032] Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in Pflanzen- oder Mikroorganismenmaterial erfolgt in Anlehnung an die Methode von Frazer et al., (J. Biol. Chem. 272 (10): 6128–6135, 1997). Die Ketolase-Aktivität in pflanzlichen oder Mikroorganismus-Extrakten wird mit den Substraten β -Carotin und Canthaxanthin in Gegenwart von Lipid (Sojalecithin) und Detergens (Natriumcholat) bestimmt. Substrat/Produkt-Verhältnisse aus den Ketolase-Assays werden mittels HPLC ermittelt.

[0033] Die Erhöhung der Ketolase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Translations- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, gegenüber dem Wildtyp, beispielsweise durch Induzierung des Ketolase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, in den Organismus.

[0034] Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, wird erfindungsge-

mäß in dieser Ausführungsform auch die Manipulation der Expression der Organismen eigenen endogenen Ketolasen verstanden. Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Ketolase kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine veränderte oder vorzugsweise erhöhte Expressionsrate mindestens eines endogenen Ketolase Gens zur Folge hat, kann durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

[0035] Es ist wie vorstehend beschrieben möglich, die Expression mindestens einer endogenen Ketolase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdsubstanzen erfolgen.

[0036] Des weiteren kann eine erhöhte Expression mindestens eines endogenen Ketolase-Gens dadurch erzielt werden, dass ein im Wildtyporganismus nicht vorkommendes oder modifiziertes Regulatorprotein mit dem Promotor dieser Gene in Wechselwirkung tritt.

[0037] Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

[0038] In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp durch die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0039] In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen kodieren, in die Organismen, wobei die Ketolasen die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz enthalten, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0040] In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres Ketolase-Gen vor, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0041] In dieser Ausführungsform weist der erfindungsgemäße genetisch veränderte Organismus dementsprechend mindestens eine exogene (= heterologe) Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, auf oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, auf, wobei die Ketolasen die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz enthalten, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0042] In einer anderen, bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden als Ausgangsorganismen Organismen verwendet, die als Wildtyp keine Ketolaseaktivität aufweisen.

[0043] In dieser bevorzugten Ausführungsform verursacht die genetische Veränderung die Ketolase-Aktivität in den Organismen. Der erfindungsgemäße genetisch veränderte Organismus weist somit in dieser bevorzugten Ausführungsform im Vergleich zum genetisch nicht veränderten Wildtyp eine Ketolase-Aktivität auf und ist somit vorzugsweise in der Lage, transgen eine Ketolase zu exprimieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0044] In dieser bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, analog zu der vorstehend beschriebenen Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, vorzugsweise durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, in den Ausgangsorganismus.

[0045] Dazu kann in beiden Ausführungsformen prinzipiell jede Nukleinsäure, die eine Ketolase kodiert, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, verwendet werden.

[0046] Die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, führt im erfindungsgemäßen Verfahren überraschenderweise zu Ketocarotinoiden mit einer geringeren Menge an hydroxylierten Nebenprodukten als bei der Verwendung der im Stand der Technik verwendeten Ketolase-Gene.

[0047] Alle in der Beschreibung erwähnten Nukleinsäuren können beispielsweise eine RNA-, DNA- oder cDNA-Sequenz sein.

[0048] Bei genomischen Ketolase-Sequenzen aus eukaryotischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall, dass der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entspre-

chenden Ketolase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

[0049] Beispiele für Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, und die entsprechenden Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, die im erfindungsgemäßen Verfahren vorteilhaft verwendet werden können, sind beispielsweise Sequenzen aus

Nostoc sp. Strain PCC7120 (Accession NO: AP003592, BAB74888; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 1, Protein SEQ ID NO: 2),

Nostoc punctiforme ATTC 29133, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ AABC01000195, Basenpaar 55,604 bis 55,392 (SEQ ID NO: 3); Protein: Acc.-No. ZP 00111258 (SEQ ID NO: 4) (als putatives Protein annotiert) oder

Nostoc punctiforme ATTC 29133, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ AABC01000196, Basenpaar 140,571 bis 139,810 (SEQ ID NO: 5), Protein: (SEQ ID NO: 6) (nicht annotiert),

Synechococcus sp. WH 8102, Nukleinsäure: Acc.-No. NZ_AABD01000001, Basenpaar 1,354,725–1,355,528 (SEQ ID NO: 46), Protein: Acc.-No. ZP_00115639 (SEQ ID NO: 47) (als putatives Protein annotiert), oder von diesen Sequenzen abgeleitete Ketolasesequenzen wie beispielsweise die Ketolasen der Sequenz SEQ ID NO: 8 oder 10 und die entsprechenden kodierenden Nukleinsäuresequenzen SEQ ID NO: 7 oder SEQ ID NO: 9, die beispielsweise durch Variation/Mutation aus der Sequenz SEQ ID NO: 4 bzw. SEQ ID NO: 3 hervorgehen,

die Ketolasen der Sequenz SEQ ID NO: 12 oder 14 und die entsprechenden kodierenden Nukleinsäuresequenzen SEQ ID NO: 11 oder SEQ ID NO: 13, die beispielsweise durch Variation/Mutation aus der Sequenz SEQ ID NO: 6 bzw. SEQ ID NO: 5 hervorgehen, oder

die Ketolasen der Sequenz SEQ ID NO: 49 oder 51 und die entsprechenden kodierenden Nukleinsäuresequenzen SEQ ID NO: 48 oder SEQ ID NO: 50, die beispielsweise durch Variation bzw. Mutation aus der Sequenz SEQ ID NO: 47 bzw. SEQ ID NO: 46 hervorgehen.

[0050] Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene, die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet werden können, lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübertragenen Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 2 leicht auffinden.

[0051] Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 1 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

[0052] Die Hybridisierung kann unter moderaten (geringe Stringenz) oder vorzugsweise unter stringenten (hohe Stringenz) Bedingungen erfolgen.

[0053] Solche Hybridisierungsbedingungen sind beispielsweise bei Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., in: Molecular Cloning (A Laboratory Manual), 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Seiten 9.31–9.57 oder in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1–6.3.6 beschrieben.

[0054] Beispielsweise können die Bedingungen während des Waschschriftes ausgewählt sein aus dem Bereich von Bedingungen begrenzt von solchen mit geringer Stringenz (mit 2X SSC bei 50_C) und solchen mit hoher Stringenz (mit 0.2X SSC bei 50_C, bevorzugt bei 65_C) (20X SSC: 0,3 M Natriumcitrat, 3 M Natriumchlorid, pH 7.0).

[0055] Darüberhinaus kann die Temperatur während des Waschschriftes von moderaten Bedingungen bei Raumtemperatur, 22°C, bis zu stringenten Bedingungen bei 65°C angehoben werden.

[0056] Beide Parameter, Salzkonzentration und Temperatur, können gleichzeitig variiert werden, auch kann einer der beiden Parameter konstant gehalten und nur der andere variiert werden. Während der Hybridisierung können auch denaturierende Agenzien wie zum Beispiel Formamid oder SDS eingesetzt werden. In Gegenwart von 50% Formamid wird die Hybridisierung bevorzugt bei 42°C ausgeführt.

[0057] Einige beispielhafte Bedingungen für Hybridisierung und Waschschritt sind infolge gegeben:

(1) Hybridisierungsbedingungen mit zum Beispiel

(i) 4X SSC bei 65°C, oder

(ii) 6X SSC bei 45°C, oder

(iii) 6X SSC bei 68°C, 100 mg/ml denaturierter Fischsperma-DNA, oder

(iv) 6X SSC, 0.5% SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA bei 68°C, oder

(v) 6X SSC, 0.5% SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA, 50% Formamid bei 42°C, oder

(vi) 50% Formamid, 4X SSC bei 42 C, oder

(vii) 50% (vol/vol) Formamid, 0.1% Rinderserumalbumin, 0.1% Ficoll, 0.1% Polyvinylpyrrolidon, 50 mM Na-

triumphosphatpuffer pH 6.5, 750 mM NaCl, 75 mM Natriumcitrat bei 42°C, oder
 (viii) 2X oder 4X SSC bei 50°C (moderate Bedingungen), oder
 (ix) 30 bis 40% Formamid, 2X oder 4X SSC bei 42° (moderate Bedingungen).
 (2) Waschschritte für jeweils 10 Minuten mit zum Beispiel
 (i) 0.015 M NaCl/0.0015 M Natriumcitrat/0.1% SDS bei 50°C, oder
 (ii) 0.1X SSC bei 65°C, oder
 (iii) 0.1X SSC, 0.5% SDS bei 68°C, oder
 (iv) 0.1X SSC, 0.5% SDS, 50% Formamid bei 42°C, oder
 (v) 0.2X SSC, 0.1% SDS bei 42°C, oder
 (vi) 2X SSC bei 65°C (moderate Bedingungen).

[0058] In einer bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren bringt man Nukleinsäuren ein, die eine Ketolase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60%, vorzugsweise mindestens 65%, vorzugsweise mindestens 70%, bevorzugter mindestens 75%, bevorzugter mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95%, besonders bevorzugt mindestens 98% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 aufweist.

[0059] Dabei kann es sich um eine natürliche Ketolase-Sequenz handeln, die wie vorstehend beschrieben durch Identitätsvergleich der Sequenzen aus anderen Organismen gefunden werden kann oder um eine künstliche Ketolase-Sequenz, die ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 2 durch künstliche Variation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgewandelt wurde.

[0060] Unter dem Begriff "Substitution" ist in der Beschreibung der Austausch einer oder mehrerer Aminosäuren durch eine oder mehrere Aminosäuren zu verstehen. Bevorzugt werden sog. konservative Austausche durchgeführt, bei denen die ersetzte Aminosäure eine ähnliche Eigenschaft hat wie die ursprüngliche Aminosäure, beispielsweise Austausch von Glu durch Asp, Gln durch Asn, Val durch Ile, Leu durch Ile, er durch Thr.

[0061] Deletion ist das Ersetzen einer Aminosäure durch eine direkte Bindung. Bevorzugte Positionen für Deletionen sind die Termini des Polypeptides und die Verknüpfungen zwischen den einzelnen Proteindomänen.

[0062] Insertionen sind Einfügungen von Aminosäuren in die Polypeptidkette, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere Aminosäuren ersetzt wird.

[0063] Unter Identität zwischen zwei Proteinen wird die Identität der Aminosäuren über die jeweils gesamte Proteinlänge verstanden, insbesondere die Identität die durch Vergleich mit Hilfe der Vector NTI Suite 7.1 Software der Firma Informax (USA) unter Anwendung der Clustal Methode (Higgins DG, Sharp PM. Fast and sensitive multiple sequence alignments on a microcomputer.

[0064] Comput Appl. Biosci. 1989 Apr; 5 (2): 151-1) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

Multiple alignment parameter:

Gap opening penalty	10
Gap extension penalty	10
Gap separation penalty range	8
Gap separation penalty	off
% identity for alignment delay	40
Residue specific gaps	off
Hydrophilic residue gap	off
Transition weighing	0

Pairwise alignment parameter:

FAST algorithm on	K-tuple size 1
Gap penalty 3	Window size 5
Number of best diagonals 5	

[0065] Unter einer Ketolase, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 aufweist, wird dementsprechend eine Ketolase verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 2, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 42% aufweist.

[0066] Beispielsweise weist nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz die Sequenz der Ketolase aus Nostoc punctiforme ATTC 29133 (SEQ ID NO: 4) mit der Sequenz der Ketolase aus Nostoc sp. Strain PCC7120 (SEQ ID NO: 2) eine Identität von 65% auf.

[0067] Die Sequenz der zweiten Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATTC 29133 (SEQ ID NO: 6) weist mit der Sequenz der Ketolase aus *Nostoc* sp. Strain PCC7120 (SEQ ID NO: 2) beispielsweise eine Identität von 58% auf.

[0068] Die Sequenz der Ketolase aus *Synechococcus* sp. WH 8102 (SEQ ID NO: 47) weist mit der Sequenz der Ketolase aus *Nostoc* sp. Strain PCC7120 (SEQ ID NO: 2) beispielsweise eine Identität von 44% auf.

[0069] Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

[0070] Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der Organismusspezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Die "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

[0071] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 1, in den Organismus ein.

[0072] Alle vorstehend erwähnten Ketolase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896–897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

[0073] Die Sequenz der Ketolase aus *Nostoc* sp. Strain PCC7120 (SEQ ID NO: 2) weist mit den Sequenzen der Ketolasen die in den Verfahren des Standes der Technik verwendet werden eine Identität von 39% (*Agrobacterium aurantiacum* (EP 735 137, Accession NO: D58420), 40% (*Alcaligenes* sp. PC-1 (EP 735137, Accession NO: D58422) und 20 bis 21% (*Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille und *Haematococcus pluvialis*, NIES-144 (EP 725137, WO 98/18910 und Lotan et al, FEBS Letters 1995, 364, 125–128, Accession NO: X86782 und D45881) auf.

[0074] In einer bevorzugten Ausführungsform werden Organismen kultiviert, die gegenüber dem Wildtyp zusätzlich zur erhöhten Ketolase-Aktivität eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder β -Cyclase-Aktivität aufweisen.

[0075] Unter Hydroxylase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Hydroxylase verstanden.

[0076] Unter einer Hydroxylase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Hydroxy-Gruppe einzuführen.

[0077] Insbesondere wird unter einer Hydroxylase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Zeaxanthin oder Canthaxanthin in Astaxanthin umzuwandeln.

[0078] Dementsprechend wird unter Hydroxylase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase umgesetzte Menge β -Carotin oder Canthaxanthin bzw. gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin verstanden.

[0079] Bei einer erhöhten Hydroxylase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase die umgesetzte Menge β -Carotin oder Canthaxanthin bzw. die gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin erhöht.

[0080] Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität mindestens 5%, weiter bevorzugt mindestens 20%, weiter bevorzugt mindestens 50%, weiter bevorzugt mindestens 100%, bevorzugter mindestens 300%, noch bevorzugter mindestens 500%, insbesondere mindestens 600% der Hydroxylase-Aktivität des Wildtyps.

[0081] Unter β -Cyclase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer β -Cyclase verstanden.

[0082] Unter einer β -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, einen endständigen, linearen Rest von Lycopin in einen β -Ionon-Ring zu überführen.

[0083] Insbesondere wird unter einer β -Cyclase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, γ -Carotin in β -Carotin umzuwandeln.

[0084] Dementsprechend wird unter β -Cyclase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein β -Cyclase umgesetzte Menge γ -Carotin bzw. gebildete Menge β -Carotin verstanden.

[0085] Bei einer erhöhten β -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein β -Cyclase die umgesetzte Menge an Lycopin bzw. γ -Carotin oder die gebildete Menge an γ -Carotin aus Lycopin bzw. die gebildete Menge an β -Carotin aus γ -Carotin erhöht.

[0086] Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der β -Cyclase-Aktivität mindestens 5%, weiter bevorzugt mindestens 20%, weiter bevorzugt mindestens 50%, weiter bevorzugt mindestens 100%, bevorzugter mindestens 300%, noch bevorzugter mindestens 500%, insbesondere mindestens 600% der β -Cyclase-Aktivität des Wildtyps.

[0087] Die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen: Die Aktivität der

Hydroxylase wird nach Bouvier et al. (Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320-328) in vitro bestimmt. Es wird zu einer bestimmten Menge an Organismusextrakt Ferredoxin, Ferredoxin-NADP Oxidoreductase, Katalase, NADPH sowie β -Carotin mit Mono- und Digalaktosylglyzeriden zugegeben.

[0088] Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, Keller, d'Harlingue und Camara (Xanthophyll biosynthesis: molecular and functional characterization of carotenoid hydroxylases from pepper fruits (*Capsicum annuum* L.); Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320-328):

[0089] Der in-vitro Assay wird in einem Volumen von 0.250 ml durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), 0.025 mg Ferredoxin von Spinat, 0.5 Einheiten Ferredoxin-NADP+ Oxidoreduktase von Spinat, 0.25 mM NADPH, 0.010 mg β -Carotin (in 0.1 mg Tween 80 emulgiert), 0.05 mM einer Mischung von Mono- und Digalaktosylglyzeriden (1:1), 1 Einheit Katalyse, 200 Mono- und Digalaktosylglyzeriden (1:1), 0.2 mg Rinderserumalbumin und Organismusextrakt in unterschiedlichem Volumen. Die Reaktionsmischung wird 2 Stunden bei 30°C inkubiert. Die Reaktionsprodukte werden mit organischem Lösungsmittel wie Aceton oder Chloroform/Methanol (2:1) extrahiert und mittels HPLC bestimmt.

[0090] Die Bestimmung der β -Cyclase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Organismen und in Wildtyp- bzw. Referenzorganismen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

[0091] Die Aktivität der β -Cyclase wird nach Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185 (1) (1992) 9-15) in vitro bestimmt. Es werden zu einer bestimmten Menge an Organismusextrakt Kaliumphosphat als Puffer (pH 7.6), Lycopin als Substrat, Stomaprotein von Paprika, NADP+, NADPH und ATP zugegeben.

[0092] Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der β -Cyclase-Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, d'Harlingue und Camara (Molecular Analysis of carotenoid cyclase inhibition; Arch. Biochem. Biophys. 346 (1) (1997) 53-64): Der in-vitro Assay wird in einem Volumen von 250 μ l Volumen durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), unterschiedliche Mengen an Organismusextrakt, 20 nM Lycopin, 250 μ g an chromoplastidärem Stomaprotein aus Paprika, 0.2 mM NADP+, 0.2 mM NADPH und 1 mM ATP. NADP/NADPH und ATP werden in 10 ml Ethanol mit 1 mg Tween 80 unmittelbar vor der Zugabe zum Inkubationsmedium gelöst. Nach einer Reaktionszeit von 60 Minuten bei 30°C wird die Reaktion durch Zugabe von Chloroform/Methanol (2:1) beendet. Die in Chloroform extrahierten Reaktionsprodukte werden mittels HPLC analysiert.

[0093] Ein alternativer Assay mit radioaktivem Substrat ist beschrieben in Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185 (1) (1992) 9-15).

[0094] Die Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität und/oder β -Cyclase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Expressions- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression von Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und/oder von Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp.

[0095] Die Erhöhung der Genexpression der Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und/oder die Erhöhung der Genexpression der Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp kann ebenfalls durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Induzierung des Hydroxylase-Gens und/oder β -Cyclase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von einer oder mehrerer Hydroxylase-Genkopien und/oder β -Cyclase-Genkopien, also durch Einbringen mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, in den Organismus.

[0096] Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase und/oder β -Cyclase, wird erfindungsgemäß auch die Manipulation der Expression der Organismus eigenen endogenen Hydroxylase und/oder β -Cyclase verstanden.

[0097] Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Hydroxylasen und/oder β -Cyclasen kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine erhöhte Expressionsrate des Gens zur Folge hat, kann beispielsweise durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

[0098] Es ist, wie vorstehend beschrieben, möglich, die Expression der endogenen Hydroxylase und/oder β -Cyclase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.

[0099] Des weiteren kann eine veränderte bzw. erhöhte Expression eines endogenen Hydroxylase- und/oder β -Cyclase-Gens dadurch erzielt werden, dass ein im nicht transformierten Organismus nicht vorkommendes Regulator-Protein mit dem Promotor dieses Gens in Wechselwirkung tritt.

[0100] Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

[0101] In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, und/oder durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, in den Organismus.

[0102] Dazu kann prinzipiell jedes Hydroxylase-Gen bzw. jedes β -Cyclase-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine Hydroxylase und jede Nukleinsäure, die eine β -Cyclase kodiert, verwendet werden.

[0103] Bei genomischen Hydroxylase- bzw. β -Cyclase-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryotischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall, dass der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende Hydroxylase bzw. β -Cyclase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs, zu verwenden.

[0104] Ein Beispiel für ein Hydroxylase-Gen ist eine Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, aus *Haematoxoccus pluvialis*, Accession AX038729, WO 0061764); (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 15, Protein: SEQ ID NO: 16).

[0105] Ein Beispiel für ein β -Cyclase-Gen ist eine Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase aus Tomate (Accession X86452). (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 17, Protein: SEQ ID NO: 18).

[0106] In den erfindungsgemäßen bevorzugten transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres Hydroxylase-Gen und/oder β -Cyclase-Gen vor.

[0107] In dieser bevorzugten Ausführungsform weist der genetisch veränderte Organismus beispielsweise mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase, auf.

[0108] Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als Hydroxylase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 16 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30%, vorzugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevorzugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 16, und die die enzymatische Eigenschaft einer Hydroxylase aufweisen.

[0109] Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID. NO: 16 leicht auffinden.

[0110] Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 15 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, wie vorstehend beschrieben, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

[0111] In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der Hydroxylase der Sequenz SEQ ID NO: 16.

[0112] Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

[0113] Bevorzugt werden dafür solche Kodons verwendet, die entsprechend des Organismusspezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Dieser "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

[0114] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 15, in den Organismus ein.

[0115] Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als β -Cyclase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 18 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30%, vorzugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevorzugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 18, und die die enzymatische Eigenschaft einer β -Cyclase aufweisen.

[0116] Weitere Beispiele für β -Cyclasen und β -Cyclase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID NO: 18 leicht auffinden.

[0117] Weitere Beispiele für β -Cyclasen und β -Cyclase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 17 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

[0118] In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der β -Cyclase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der β -Cyclase der Sequenz SEQ. ID. NO: 18.

[0119] Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

[0120] Bevorzugt werden dafür solche Kodons verwendet, die entsprechend des Organismusspezifischen "codon usage" häufig verwendet werden. Dieser "codon usage" lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

[0121] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 17 in den Organismus ein.

[0122] Alle vorstehend erwähnten Hydroxylase-Gene oder β -Cyclase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamidmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896–897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

[0123] Besonders bevorzugt werden im erfindungsgemäßen Verfahren genetisch veränderte Organismen mit folgende Kombinationen genetischer Veränderungen verwendet:

Genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität aufweisen,

genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte R-Cyclase-Aktivität aufweisen und

genetisch veränderte Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und eine erhöhte R-Cyclase-Aktivität aufweisen.

[0124] Die Herstellung dieser genetisch veränderten Organismen kann, wie nachstehend beschrieben, beispielsweise durch Einbringen einzelner Nukleinsäurekonstrukte (Expressionskassetten) oder durch Einbringen von Mehrfachkonstrukten erfolgen, die bis zu zwei oder drei der beschriebenen Aktivitäten enthalten.

[0125] Unter Organismen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Organismen verstanden, die als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung und/oder Umregulierung der Stoffwechselwege in der Lage sind, Carotinoide, insbesondere (3-Carotin und/oder Zeaxanthin und/oder Neoxanthin und/oder Violaxanthin und/oder Lutein herzustellen.

[0126] Weiter bevorzugte Organismen weisen als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen bereits eine Hydroxylase-Aktivität auf und sind somit als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen in der Lage, Zeaxanthin herzustellen.

[0127] Bevorzugte Organismen sind Pflanzen oder Mikroorganismen, wie beispielsweise Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

[0128] Als Bakterien können sowohl Bakterien verwendet werden, die aufgrund des Einbringens von Genen der Carotinoidbiosynthese eines Carotinoid-produzierenden Organismus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren, wie beispielsweise Bakterien der Gattung Escherichia, die beispielsweise crt-Gene aus Erwinia enthalten, als auch Bakterien, die von sich aus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren wie beispielsweise Bakterien der Gattung Erwinia, Agrobacterium, Flavobacterium, Alcaligenes, Paracoccus, Nostoc oder Cyanobakterien der Gattung Synechocystis.

[0129] Bevorzugte Bakterien sind Escherichia co1i, Erwinia herhicolor, Erwinia uredovora, Agrobacterium auranthiacum, Alcaligenes sp. PC-1, Flavobacterium sp. strain R1534, das Cyanobacterium Synechocystis sp. PCC6803, Paracoccus marcusii oder Paracoccus carotinifaciens.

[0130] Bevorzugte Hefen sind Candida, Saccharomyces, Hansenula, Pichia oder Phaffia. Besonders bevorzugte Hefen sind Xanthophylomyces dendrorhous oder Phaffia rhodozyma.

[0131] Bevorzugte Pilze sind Aspergillus, Trichodema, Ashbya, Neurospora, Blakeslea, Phycomyces, Fusarium oder weitere in Indian Chem. Engr. Section B. Vol. 37, No. 1, 2 (1995) auf Seite 15, Tabelle 6 beschriebene Pilze.

[0132] Bevorzugte Algen sind Grünalgen, wie beispielsweise Algen der Gattung Haematococcus, Phaeodactylum tricornatum, Volvox oder Dunaliella. Besonders bevorzugte Algen sind Haematococcus puvialis oder Dunaliella bardawil.

[0133] Weitere brauchbare Mikroorganismen und deren Herstellung zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens sind beispielsweise aus der DE-A-199 16 140 bekannt, worauf hiermit Bezug genommen wird.

[0134] Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iiliaceae oder Lamiaceae.

[0135] Ganz besonders bevorzugte Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Acacia, Aconitum, Adonis, Amica, Aquilegia, Aster, Astragalus, Bignonia, Calendula, Caltha, Campanula, Canna, Centaurea, Cheiranthus, Chrysanthemum, Citrus, Crepis, Crocus, Curcurbita, Cytisus, Delonia, Delphinium, Dianthus, Dimorphotheca, Doronicum, Eschscholtzia, Forsythia, Fremontia, Gazania, Gelsemium, Genista, Gentiana, Geranium, Gertiera, Geum, Grevillea, Helenium, Helianthus, Hepatica, Heracleum, Hibiscus, Heliopsis, Hypericum, Hypochoeris, Impatiens, Iris, Jacaranda, Kerria, Labium, Lathyrus, Leontodon, Lilium, Linum, Lotus, Lycopersicon, Lysimachia, Maratia, Medicago, Mimulus,

Narcissus, Oenothera, Osmanthus, Petunia, Photinia, Physalis, Phyteuma, Potentilla, Pyracantha, Ranunculus, Rhododendron, Rosa, Rudbeckia, Senecio, Silene, Silphium, Sinapsis, Sorbus, Spartium, Tecoma, Torenia, Tragopogon, Trollius, Tropaeolum, Tulipa, Tussilago, Ulex, Viola oder Zinnia, besonders bevorzugt ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Lycopersicon, Rosa, Calendula, Physalis, Medicago, Helianthus, Chrisanthemum, Aster, Tulipa, Narcissus, Petunia, Geranium, Tropaeolum oder Adonis.

[0136] Im erfindungsgemäßen Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden wird vorzugsweise dem Kultivierungsschritt der genetisch veränderten Organismen ein Ernten der Organismen und weiter bevorzugt zusätzlich ein Isolieren von Ketocarotinoiden aus den Organismen angeschlossen.

[0137] Das Ernten der Organismen erfolgt in an sich bekannter Weise dem jeweiligen Organismus entsprechend. Mikroorganismen, wie Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze oder Pflanzenzellen, die durch Fermentation in flüssigen Nährmedien kultiviert werden, können beispielsweise durch Zentrifugieren, Dekantieren oder Filtern abgetrennt werden. Pflanzen werden in an sich bekannter Weise auf Nährböden gezogen und entsprechend geerntet.

[0138] Die Kultivierung der genetisch veränderten Mikroorganismen erfolgt bevorzugt in Gegenwart von Sauerstoff bei einer Kultivierungstemperatur von mindestens etwa 20°C, wie z.B. 20°C bis 40°C, und einem pH-Wert von etwa 6 bis 9. Bei genetisch veränderten Mikroorganismen erfolgt vorzugsweise zunächst die Kultivierung der Mikroorganismen in Gegenwart von Sauerstoff und in einem Komplexmedium, wie z.B. TB- oder LB- Medium bei einer Kultivierungstemperatur von etwa 20°C oder mehr, und einem pH-Wert von etwa 6 bis 9, bis eine ausreichende Zelldichte erreicht ist. Um die Oxidationsreaktion besser steuern zu können, bevorzugt man die Verwendung eines induzierbaren Promotors. Die Kultivierung wird nach Induktion der Ketolaseexpression in Gegenwart von Sauerstoff, z.B. 12 Stunden bis 3 Tage, fortgesetzt.

[0139] Die Isolierung der Ketocarotinoide aus der geernteten Biomasse erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemische oder physikalische Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie.

[0140] Wie nachstehend erwähnt, können die Ketocarotinoide in den erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen vorzugsweise in verschiedenen Pflanzengeweben, wie beispielsweise Samen, Blätter, Früchte, Blüten, insbesondere in Blütenblättern spezifisch hergestellt werden.

[0141] Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den geernteten Blütenblättern erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Trocknung und anschließender Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemischer oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie. Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den Blütenblättern erfolgt beispielsweise bevorzugt durch organische Lösungsmittel wie Aceton, Hexan, Ether oder tert.-Methylbutylether.

[0142] Weitere Isolierverfahren von Ketocarotinoiden, insbesondere aus Blütenblättern, sind beispielsweise in Egger und Kleinig (Phytochemistry (1967) 6, 437–440) und Egger (Phytochemistry (1965) 4, 609–618) beschrieben.

[0143] Vorzugsweise sind die Ketocarotinoide ausgewählt aus der Gruppe Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin.

[0144] Ein besonders bevorzugtes Ketocarotinoid ist Astaxanthin.

[0145] Je nach verwendetem Organismus fallen die Ketocarotinoide in freier Form oder als Fettsäureester an.

[0146] In Blütenblättern von Pflanzen fallen die Ketocarotinide im erfindungsgemäßen Verfahren in Form ihrer Mono- oder Diester mit Fettsäuren an. Einige nachgewiesene Fettsäuren sind z.B. Myristinsäure, Palmitinsäure, Stearinsäure, Ölsäure, Linolensäure, und Laurinsäure (Kamata und Simpson (1987) Comp. Biochem. Physiol. Vol. 86B(3), 587–591).

[0147] Die Herstellung der Ketocarotinoide kann in der ganzen Pflanze oder in einer bevorzugten Ausführungsform spezifisch in Pflanzengeweben, die Chromoplasten enthalten, erfolgen. Bevorzugte Pflanzengewebe sind beispielsweise Wurzeln, Samen, Blätter, Früchte, Blüten und insbesondere Nektarien und Blütenblätter, die auch Petalen bezeichnet werden.

[0148] In einer besonderen bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Blüten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

[0149] Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines blüten spezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem blüten spezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

[0150] In einer weiteren, besonderen bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Früchten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

[0151] Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines

fruchtspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem fruchtspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

[0152] In einer weiteren, besonderes bevorzugten, Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Samen die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

[0153] Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt funktionell verknüpft mit einem samenspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

[0154] Das Targeting in die Chromoplasten erfolgt durch ein funktionell verknüpftes plastidäres Transitpeptid.

[0155] Im folgenden wird exemplarisch die Herstellung genetisch veränderter Pflanzen mit erhöhter oder verursachter Ketolase-Aktivität beschrieben. Die Erhöhung weiterer Aktivitäten, wie beispielsweise der Hydroxylase-Aktivität und/oder der β -Cyclase-Aktivität kann analog unter Verwendung von Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Hydroxylase bzw. β -Cyclase anstelle von Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Ketolase, erfolgen. Die Transformation kann bei den Kombinationen von genetischen Veränderungen einzeln oder durch Mehrfachkonstrukte erfolgen.

[0156] Die Herstellung der transgenen Pflanzen erfolgt vorzugsweise durch Transformation der Ausgangspflanzen, mit einem Nukleinsäurekonstrukt, das die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase enthält, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.

[0157] Diese Nukleinsäurekonstrukte, in denen die kodierende Nukleinsäuresequenz mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten, werden im folgenden auch Expressionskassetten genannt.

[0158] Vorzugsweise enthalten die Regulationssignale einen oder mehrere Promotoren, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.

[0159] Die Expressionskassetten beinhalteten Regulationssignale, also regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der kodierenden Sequenz in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfasst eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, einen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungssignal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz für mindestens eines der vorstehend beschriebenen Gene operativ verknüpft sind. Unter einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulatorischen Elementen derart, dass jedes der regulatorischen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmgemäß erfüllen kann.

[0160] Im folgenden werden beispielhaft die bevorzugten Nukleinsäurekonstrukte, Expressionskassetten und Vektoren für Pflanzen und Verfahren zur Herstellung von transgenen Pflanzen, sowie die transgenen Pflanzen selbst beschrieben.

[0161] Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten, aber nicht darauf beschränkten Sequenzen, sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER), im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärkern wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus (Gallie et al., *Nucl. Acids Res.* 15 (1987), 8693–8711).

[0162] Als Promotor der Expressionskassette ist grundsätzlich jeder Promotor geeignet, der die Expression von Fremdgenen in Pflanzen steuern kann.

[0163] "Konstitutiver" Promotor meint solche Promotoren, die eine Expression in zahlreichen, bevorzugt allen, Geweben über einen größeren Zeitraum der Pflanzenentwicklung, bevorzugt zu allen Zeitpunkten der Pflanzenentwicklung, gewährleisten.

[0164] Vorzugsweise verwendet man insbesondere einen pflanzlichen Promotor oder einen Promotor, der einem Pflanzenvirus entstammt. Insbesondere bevorzugt ist der Promotor des 35S-Transkriptes des CaMV Blumenkohlmosaikvirus (Franck et al. (1980) *Cell* 21: 285–294; Odell et al. (1985) *Nature* 313: 810–812; Shewmaker et al. (1985) *Virology* 140: 281–288; Gardner et al. (1986) *Plant Mol Biol* 6: 221–228), der 19S CaMV Promotor (US 5,352,605; WO 84/02913; Benfey et al. (1989) *EMBO J* 8: 2195–2202), den Triose-Phosphat Translokator (TPT) Promotor aus *Arabidopsis thaliana* Acc.-No. AB006698, Basenpaar 53242 bis 55281; das Gen beginnend ab by 55282 ist mit "phosphate/triose-phosphate translocator" annotiert, oder den 34S Promoter aus Figwort mosaic virus Acc.-No. X16673, Basenpaar 1 bis 554.

[0165] Ein weiterer geeigneter konstitutiver Promotor ist der pds Promoter (Pecker et al. (1992) *Proc. Natl. Acad. Sci USA* 89: 4962–4966) oder der "Rubisco small subunit (SSU)"-Promotor (US 4,962,028), der LeguminB-Promotor (GenBank Acc.-Nr. X03677), der Promotor der Nopalinsynthase aus *Agrobacterium*, der TR-Doppelpromotor, der OCS (Octopin Synthase) Promotor aus *Agrobacterium*, der Ubiquitin Promotor

(Holtort S et al. (1995) *Plant Mol Biol* 29: 637–649), der Ubiquitin 1 Promotor (Christessen et al. (1992) *Plant Mol Biol* 18: 675–689; Bruce et al. (1989) *Proc Natl Acad Sci USA* 86: 9692–9696), der Smas Promotor, der Cinnamylalkoholdehydrogenase-Promotor (US 5,683,439), die Promotoren der vakuolärer ATPase Untereinheiten oder der Promotor eines prolinreichen Proteins aus Weizen (WO 91/13991), der Pnit-Promoter (Y07648.L, Hillebrand et al. (1998), *Plant. Mol. Biol.* 36, 89–99, Hillebrand et al. (1996), *Gene*, 170, 197–200) sowie weitere Promotoren von Genen, deren konstitutive Expression in Pflanzen dem Fachmann bekannt ist. [0166] Die Expressionskassetten können auch einen chemisch induzierbaren Promotor enthalten (Übersichtsartikel: Gatz et al. (1997) *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol* 48: 89–108), durch den die Expression des Ketolase-Gens in der Pflanze zu einem bestimmten Zeitpunkt gesteuert werden kann. Derartige Promotoren, wie z.B. der PRP1 Promotor (Ward et al. (1993) *Plant Mol Biol* 22: 361–366), ein durch Salicylsäure induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein durch Benzolsulfonamid-induzierbarer Promotor (EP 0 388186), ein durch Tetrazyklin-induzierbarer Promotor (Gatr et al. (1992) *Plant J* 2: 397–404), ein durch Abscisinsäure induzierbarer Promotor (EP 0 335 528) bzw. ein durch Ethanol- oder Cyclohexanon-induzierbarer Promotor (WO 93/21334) können ebenfalls verwendet werden.

[0167] Ferner sind Promotoren bevorzugt, die durch Biotischen oder abiotischen Stress induziert werden wie beispielsweise der pathogen-induzierbare Promotor des PRP1-Gens (Ward et al. (1993) *Plant Mol Biol* 22: 361–366), der hitreduzierbare hsp70- oder hsp80-Promoter aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare alpha-Amylase Promoter aus der Kartoffel (WO 96/12814), der licht-induzierbare PPDK Promotor oder der verwundungsinduzierte pin1l-Promoter (EP 375091).

[0168] Pathogen-induzierbare Promotoren umfassen die von Genen, die infolge eines Pathogenbefalls induziert werden wie beispielsweise Gene von PR-Proteinen, SAR-Proteinen, b-1,3-Glucanase, Chitinase usw. (beispielsweise Redolfi et al. (1983) *Neth J Plant Pathol* 89: 245–254; Uknas, et al. (1992) *The Plant Cell* 4: 645–656; Van Loon (1985) *Plant Mol Viral* 4: 111–116; Marineau et al. (1987) *Plant Mol Biol* 9: 335–342; Matton et al. (1987) *Molecular Plant-Microbe Interactions* 2: 325–342; Somssich et al. (1986) *Proc Natl Acad Sci USA* 83: 2427–2430; Somssich et al. (1988) *Mol Gen Genetics* 2: 93–98; Chen et al. (1996) *Plant J* 10: 955–966; Zhang and Sing (1994) *Proc Natl Acad Sci USA* 91: 2507–2511; Warner, et al. (1993) *Plant J* 3: 191–201; Siebertz et al. (1989) *Plant Cell* 1: 961–968 (1989).

[0169] Umfasst sind auch verwundungsinduzierbare Promotoren wie der des pin1l-Gens (Ryan (1990) *Ann Rev Phytopath* 28: 425–449; Duan et al. (1996) *Nat Biotech* 14: 494–498), des wun1 und wun2-Gens (US 5,428,148), des win1- und win2-Gens (Stanford et al. (1989) *Mol Gen Genet* 215: 200–208), des Systemin-Gens (McGurl et al. (1992) *Science* 225: 1570–1573), des WIP1-Gens (Rohmeier et al. (1993) *Plant Mol Biol* 22: 783–792; Ekelkamp et al. (1993) *FEBS Letters* 323: 73–76), des MPI-Gens (Corderok et al. (1994) *The Plant J* 6 (2): 141–150) und dergleichen.

[0170] Weitere geeignete Promotoren sind beispielsweise fruchtreifung-spezifische Promotoren, wie beispielsweise der Fruchtreifung-spezifische Promotor aus Tomate (WO 94/21794, EP 409 625). Entwicklungs-abhängige Promotoren schließt zum Teil die gewebespezifischen Promotoren ein, da die Ausbildung einzelner Gewebe naturgemäß entwicklungsabhängig erfolgt.

[0171] Weiterhin sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, die die Expression in Geweben oder Pflanzenteilen sicherstellen, in denen beispielsweise die Biosynthese von Ketocarotinoiden bzw. dessen Vorstufen stattfindet. Bevorzugt sind beispielsweise Promotoren mit Spezifitäten für die Antheren, Ovarien, Petalen, Sepalen, Blüten, Blätter, Stengel, Samen und Wurzeln und Kombinationen hieraus.

[0172] Knollen-, Speicherwurzel- oder Wurzel-spezifische Promotoren sind beispielsweise der Patatin-Promotor Klasse I (B33) oder der Promotor des Cathepsin D Inhibitors aus Kartoffel.

[0173] Blattspezifische Promotoren sind beispielsweise der Promotor der cytosolischen FBPase aus Kartoffel (WO 97/05900), der SSU Promotor (small subunit) der Rubisco (Ribulose-1,5-bisphosphatcarboxylase) oder der ST-LSI Promotor aus Kartoffel (Stockhaus et al. (1989) *EM-BO J* 8: 2445–2451).

[0174] Blüten-spezifische Promotoren sind beispielsweise der Phytoen-Synthase Promotor (WO 92/16635) oder der Promotor des P-rr Gens (WO 98/22593), der AP3 Promoter aus *Arabidopsis thaliana* (siehe Beispiel 5), der CHRC-Promoter (Chromoplast-specific carotenoidassociated protein (CHRC) gehe promoter aus *Cucumis sativus* Acc.-No. AF099501, Basenpaar 1 bis 1532), der EPSP Synthase Promotor (5-enolpyruylshikimate-3-phosphate synthase gene promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. M37029, Basenpaar 1 bis 1788), der PDS Promotor (Phytoene desaturase gene promoter aus *Solanum lycopersicum*, Acc.-No. U46919, Basenpaar 1 bis 2078), der DFR-A Promotor (Dihydroflavonol 4-reductase gene A promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. X79723, Basenpaar 32 bis 1902) oder der FBP1 Promotor (Floral Binding Protein 1 gene promoter aus *Petunia hybrida*, Acc.-No. L10115, Basenpaar 52 bis 1069).

[0175] Antheren-spezifische Promotoren sind beispielsweise der 5126-Promotor (US 5,689,049, US 5,689,051), der glob-I Promotor oder der g-Zein Promotor.

[0176] Samen-spezifische Promotoren sind beispielsweise der ACP05-Promotor (Acyl-carrier-Protein Gen, WO9218634), die Promotoren AtS1 und AtS3 von *Arabidopsis* (WO 9920775), der LeB4-Promotor von *Vicia faba* (WO 9729200 und US 06403371), der Napin-Promotor von *Brassica napus* (US 5608152; EP 255378;

US 5420034), der SBP-Promotor von *Vicia faba* (DE 9903432) oder die Maispromotoren End1 und End2 (WO 0011177).

[0177] Weitere zur Expression in Pflanzen geeignete Promotoren sind beschrieben in Rogers et al. (1987) Meth in Enzymol 153: 253–277; Schardl et al. (1987) Gene 61: 1–11 und Berger et al. (1989) Proc Natl Acad Sci USA 86: 8402–8406).

[0178] Besonders bevorzugt im erfindungsgemäßen Verfahren sind konstitutive, samenspezifische, fruchtspezifische, blütenspezifische und insbesondere blütenblattspezifische Promotoren.

[0179] Die vorliegende Erfindung betrifft daher insbesondere ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktional verknüpft einen blütenspezifischen oder insbesondere einen blütenblattspezifischen Promotor und eine Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0180] Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt vorzugsweise durch Fusion eines geeigneten Promotors mit einer vorstehend beschriebenen Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, und vorzugsweise einer zwischen Promotor und Nukleinsäure-Sequenz inserierten Nukleinsäure, die für ein plastidenspezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungs-techniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience (1987), beschrieben sind.

[0181] Die vorzugsweise insertierte Nukleinsäuren, kodierend ein plastidäres Transitpeptid, gewährleisten die Lokalisation in Plastiden und insbesondere in Chromoplasten.

[0182] Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren Nukleinsäure-Sequenz für ein Ketolase-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chromoplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Translokation der Ketolase in die Chromoplasten vom Ketolase-Teil enzymatisch abgespalten werden.

[0183] Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären *Nicotiana tabacum* Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco (rbcS) oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2) oder dessen funktionellem Äquivalent abgeleitet ist.

[0184] Besonders bevorzugt sind Nukleinsäure-Sequenzen von drei Kassetten des Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als KpnI/BamHI Fragmente mit einem ATG-Codon in der Ncol Schnittstelle:

pTP09

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCGTTCTG
TCCCTGCCATGGCTCTGCCTCTTCTCAACTTCCCTTCTCT-
CACTTTTCCGGCCTAAATCCAATCCAAATATCACCAACCTCCGCCGCG-
TACTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCGCTCGTAAGGTACCGGCATTGTCCT-
CAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAATGAGACTGCGCTGGATCC_BamHI

pTP10

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCGTTCTG
TCCCTGCCATGGCTCTGCCTCTTCTCAACTTCCCTTCTCT-
CACTTTTCCGGCCTAAATCCAATCCAAATATCACCAACCTCCGCCGCG-
TACTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCGCTCGTAAGGTACCGGCATTGTCCT-
CAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAATGAGACTGCGCTGGATCC_BamHI

pTP11

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTCACTCTCTCAAGCTATCCTCTCGTTCTG
TCCCTGCCATGGCTCTGCCTCTTCTCAACTTCCCTTCTCT-
CACTTTTCCGGCCTAAATCCAATCCAAATATCACCAACCTCCGCCGCG-
TACTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCGCTCGTAAGGTACCGGCATTGTCCT-
CAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAATGAGACTGCGCTGGATCC_BamHI

[0185] Weitere Beispiele für ein plastidäres Transitpeptid sind das Transitpeptid der plastidären Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) aus *Arabisopsis thaliana* und das Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Ribulosebisphosphat Carboxylase (rbcS) aus Erbse (Guerineau, F, Woolston, S, Brooks, L, Mullineaux, P (1988) An expression cassette for targeting foreign proteins into the chloroplasts. *Nucl. Acids Res.* 16: 11380).

[0186] Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren können synthetisch hergestellt oder natürlich gewonnen sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen Nukleinsäure-Bestandteilen enthalten, sowie aus verschiedenen heterologen Genabschnitten verschiedener Organismen bestehen.

[0187] Bevorzugt sind, wie vorstehend beschrieben, synthetische Nukleotid-Sequenzen mit Kodons, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzenspezies exprimiert werden.

[0188] Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente manipuliert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die Verbindung der DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adaptoren oder Linker angesetzt werden.

[0189] Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Polylinker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die Expressionskassette beinhaltet vorzugsweise in der 5'-3'-Transkriptionsrichtung den Promotor, eine kodierende Nukleinsäuresequenz oder ein Nukleinsäurekonsstrukt und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche sind gegeneinander beliebig austauschbar.

[0190] Beispiele für einen Terminator sind der 35S-Terminator (Guerineau et al. (1988) *Nucl Acids Res.* 16: 11380), der nos Terminator (Depicker A, Stachel S, Dhaese P, Zambryski P, Goodman HM. Nopaline synthase: transcript mapping and DNA sequence. *J Mol Appl Genet.* 1982; 1 (6): 561-73) oder der ocs Terminator (Gielien, J, de Beuckeleer, M, Seurinck, J, Debroek, N, de Greve, H, Lemmers, M, van Montagu, M, Schell, J (1984)

The complete sequence of the TL-DNA of the Agrobacterium tumefaciens plasmid pTiAchS. EMBO J. 3: 835–846).

[0191] Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können in vitro-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden.

[0192] Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.

[0193] Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus Agrobacterium tumefaciens, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-Plasmids pTiAch5 entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.

[0194] Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet.

[0195] Dazu können an sich bekannte Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzengeweben oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt werden.

[0196] Geeignete Methoden zur Transformation von Pflanzen sind die Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone – die sogenannte "particle bombardment" Methode, die Elektroporation, die Inkubation trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der, vorstehend beschriebene, durch Agrobacterium vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128–143 sowie in Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205–225) beschrieben.

[0197] Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, Agrobacterium tumefaciens zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984), 8711) oder besonders bevorzugt pSUN2, pSUN3, pSUN4 oder pSUNS (WO 02/00900).

[0198] Mit einem Expressionsplasmid transformierte Agrobakterien können in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

[0199] Zur bevorzugten Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, wird die fusionierte Expressionskassette, die eine Ketolase exprimiert, in einen Vektor, beispielsweise pBin19 oder insbesondere pSUNS und pSUN3 kloniert, der geeignet ist, in Agrobacterium tumefaciens transformiert zu werden. Mit einem solchen Vektor transformierte Agrobakterien können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen verwendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

[0200] Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15–38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw. Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein in die Expressionskassette integriertes Gen für die Expression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthalten.

[0201] Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einer für eine Ketolase kodierenden Nukleinsäure wird eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" (CRC Press), Kap. 6/7, S. 71–119 (1993) beschrieben.

[0202] Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in *E. coli*, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. pJIT117 (Guerineau et al. (1988) Nucl. Acids Res. 16: 11380), pBR332, pUC-Serien, M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in *E. coli* als auch in Agrobakterien replizieren können.

[0203] Im folgenden wird die Herstellung der erfundungsgemäßen gentisch veränderten Mikroorganismen näher beschrieben:

[0204] Die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase oder β -Hydroxylase oder β -Cyclase sind vorzugsweise in Expressionskonstrukte eingebaut, enthaltend unter der genetischen Kontrolle regulativer Nukleinsäuresequenzen eine für ein erfundungsgemäßes Enzym kodierende Nukleinsäuresequenz; sowie Vektoren, umfassend wenigstens eines dieser Expressionskonstrukte.

[0205] Vorzugsweise umfassen solche erfundungsgemäßen Konstrukte 5'-stromaufwärts von der jeweiligen kodierenden Sequenz einen Promotor und 3'-stromabwärts eine Terminatorsequenz sowie gegebenenfalls weitere übliche regulative Elemente, und zwar jeweils operativ verknüpft mit der kodierenden Sequenz. Unter

einer "operativen Verknüpfung" versteht man die sequentielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und gegebenenfalls weiterer regulativer Elemente derart, dass jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.

[0206] Beispiele für operativ verknüpfbare Sequenzen sind Targeting-Sequenzen sowie Translationsverstärker, Enhancer, Polyadenylierungssignale und dergleichen. Weitere regulative Elemente umfassen selektierbare Marker, Amplifikationssignale, Replikationsursprünge und dergleichen.

[0207] Zusätzlich zu den artifiziellen Regulationssequenzen kann die natürliche Regulationssequenz vor dem eigentlichen Strukturen noch vorhanden sein. Durch genetische Veränderung kann diese natürliche Regulation gegebenenfalls ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht oder erniedrigt werden. Das Genkonstrukt kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es werden keine zusätzlichen Regulationssignale vor das Strukturen insertiert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wird nicht entfernt. Statt dessen wird die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und die Genexpression gesteigert oder verringert wird. Die Nukleinsäuresequenzen können in einer oder mehreren Kopien im Genkonstrukt enthalten sein.

[0208] Beispiele für brauchbare Promotoren in Mikroorganismen sind: cos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, Ipp-, lac-, Ipp-lac-, lacIq-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, lambda-PR- oder im lambda-PL-Promotor, die vorteilhafterweise in gram-negativen Bakterien Anwendung finden; sowie die gram-positiven Promotoren amy und SPO2 oder die Hefepromotoren ADC1, MFa, AC, P-60, CYC1, GAPDH. Besonders bevorzugt ist die Verwendung induzierbarer Promotoren, wie z.B. licht- und insbesondere temperaturinduzierbarer Promotoren, wie der P_P-Promotor.

[0209] Prinzipiell können alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen verwendet werden. Darüber hinaus können auch synthetische Promotoren vorteilhaft verwendet werden.

[0210] Die genannten regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Nukleinsäuresequenzen und die Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird.

[0211] Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei vorzugsweise die Expression positiv beeinflussen und dadurch erhöhen oder erniedrigen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

[0212] Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt durch Fusion eines geeigneten Promotors mit den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, kodierend eine Ketolase, β-Hydroxylase oder β-Cyclase sowie einem Terminator- oder Polyadenylierungssignal. Dazu verwendet man gängige Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley Interscience (1987) beschrieben sind.

[0213] Das rekombinante Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt wird zur Expression in einem geeigneten Wirtsorganismus vorteilhafterweise in einen wirtsspezifischen Vektor insertiert, der eine optimale Expression der Gene im Wirt ermöglicht. Vektoren sind dem Fachmann wohl bekannt und können beispielsweise aus "Cloning Vectors" (Pouwels P. H. et al., Hrsg, Elsevier, Amsterdam – New York – Oxford, 1985) entnommen werden. Unter Vektoren sind außer Plasmiden auch alle anderen dem Fachmann bekannte Vektoren, wie beispielsweise Phagen, Viren, wie SV40, CMV, Baculovirus und Adenovirus, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Cosmide, und lineare oder zirkuläre DNA zu verstehen. Diese Vektoren können autonom im Wirtsorganismus repliziert oder chromosomal repliziert werden.

[0214] Als Beispiele für geeignete Expressionsvektoren können genannt werden:

[0215] Übliche Fusionsexpressionsvektoren, wie pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B. und Johnson, K.S. (1988) Gene 67: 31–40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT 5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

[0216] Nicht-Fusionsprotein-Expressionsvektoren wie pTrc (Amann et al., (1988) Gene 69: 301–315) und pET 11d (Studier et al. Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60–89) oder pBluescript und pUC-Vektoren.

[0217] Hefe-Expressionsvektor zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae*, wie pYEpSec1 (Baldari et al., (1987) Embo J. 6: 229–234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) Cell 30: 933–943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) Gene 54: 113–123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA).

[0218] Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel,

C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, J.F. Peberdy et al., Hrsg., S. 1–28, Cambridge University Press: Cambridge.

[0219] Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (bspw. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al., (1983) Mol. Cell Biol. 3: 2156–2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) Virology 170: 31–39).

[0220] Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen sind in Kapitel 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F. und Maniatis, T., Molecular cloning: A Laboratory Manual, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989 beschrieben.

[0221] Mit Hilfe der erfindungsgemäßen Expressionskonstrukte bzw. Vektoren sind genetisch veränderte Mikroorganismen herstellbar, welche beispielsweise mit wenigstens einem erfindungsgemäßen Vektor transformiert sind.

[0222] Vorteilhafterweise werden die oben beschriebenen erfindungsgemäßen rekombinanten Konstrukte in ein geeignetes Wirtssystem eingebbracht und exprimiert. Dabei werden vorzugsweise dem Fachmann bekannte geläufige Klonierungs- und Transfektionsmethoden, wie beispielsweise Co-Präzipitation, Protoplastenfusion, Elektroporation, retrovirale Transfektion und dergleichen, verwendet, um die genannten Nukleinsäuren im jeweiligen Expressionssystem zur Expression zu bringen. Geeignete Systeme werden beispielsweise in Current Protocols in Molecular Biology, F. Ausubel et al., Hrsg., Wiley Interscience, New York 1997, beschrieben.

[0223] Die Selektion erfolgreich transformierter Organismen kann durch Markergene erfolgen, die ebenfalls im Vektor oder in der Expressionskassette enthalten sind. Beispiele für solche Markergene sind Gene für Antibiotikaresistenz und für Enzyme, die eine fargebende Reaktion katalysieren, die ein Anfärben der transformierten Zelle bewirkt. Diese können dann mittels automatischer Zellsortierung selektiert werden.

[0224] Erfolgreich mit einem Vektor transformierte Mikroorganismen, die ein entsprechendes Antibiotikaresistenzgen (z.B. G418 oder Hygromycin) tragen, lassen sich durch entsprechende Antibiotika-enthaltende Medien oder Nährböden selektieren. Markerproteine, die an der Zelloberfläche präsentiert werden, können zur Selektion mittels Affinitätschromatographie genutzt werden.

[0225] Die Kombination aus den Wirtsorganismen und den zu den Organismen passenden Vektoren, wie Plasmide, Viren oder Phagen, wie beispielsweise Plasmide mit dem RNA-Polymerase/Promoter-System, die Phagen 8 oder andere temperante Phagen oder Transposons und/oder weiteren vorteilhaften regulatorischen Sequenzen bildet ein Expressionssystem.

[0226] Die Erfindung betrifft ferner ein Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen, dadurch gekennzeichnet, dass man ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen Promotor und Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, und gegebenenfalls einen Terminator in das Genom des Ausgangsorganismus oder extrachromosomal in den Ausgangsorganismus einführt.

[0227] Die Erfindung betrifft ferner die genetisch veränderten Organismen, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase

A für den Fall, dass der Wildtyporganismus bereits eine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und

B für den Fall, dass der Wildtyporganismus keine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht

und die nach A erhöhte oder nach B verursachte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0228] Wie vorstehend ausgeführt erfolgt die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp vorzugsweise durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0229] In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt, wie vorstehend ausgeführt, die Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, durch Einbringen von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, in die Pflanzen und damit vorzugsweise durch Überexpression oder transgene Expression von Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

[0230] Die Erfindung betrifft ferner einen genetisch veränderten Organismus, enthaltend mindestens eine

transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist. Dies ist der Fall, wenn der Ausgangsorganismus keine Ketolase oder eine endogen Ketolase aufweist und eine transgene Ketolase überexprimiert wird.

[0231] Die Erfindung betrifft ferner einen genetisch veränderten Organismus, enthaltend mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist. Dies ist der Fall, wenn der Ausgangsorganismus eine endogen Ketolase aufweist und die endogene Ketolase überexprimiert wird.

[0232] Besonders bevorzugte, genetisch veränderte Organismen weisen, wie vorstehend erwähnt, zusätzlich eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder β -Cyclase-Aktivität gegenüber einem Wildtyporganismus auf. Weiter bevorzugte Ausführungsformen sind vorstehend im erfindungsgemäß Verfahren beschrieben.

[0233] Unter Organismen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Organismen verstanden, die als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung und/oder Umregulierung der Stoffwechselwege in der Lage sind, Carotinoide, insbesondere β -Carotin und/oder Zeaxanthin und/oder Neoxanthin und/oder Violaxanthin und/oder Lutein herzustellen.

[0234] Weiter bevorzugte Organismen weisen als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen bereits eine Hydroxylase-Aktivität auf und sind somit als Wildtyp- oder Ausgangsorganismen in der Lage, Zeaxanthin herzustellen.

[0235] Bevorzugte Organismen sind Pflanzen oder Mikroorganismen, wie beispielsweise Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

[0236] Als Bakterien können sowohl Bakterien verwendet werden, die aufgrund des Einbringens von Genen der Carotinoidbiosynthese eines Carotinoid-produzierenden Organismus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren, wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Escherichia*, die beispielsweise crt-Gene aus *Erwinia* enthalten, als auch Bakterien, die von sich aus in der Lage sind, Xanthophylle zu synthetisieren wie beispielsweise Bakterien der Gattung *Erwinia*, *Agrobacterium*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Paracoccus*, *Nostoc* oder *Cyanobakterien* der Gattung *Synechocystis*.

[0237] Bevorzugte Bakterien sind *Escherichia coli*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia uredovora*, *Agrobacterium aurantiacum*, *Alcaligenes* sp. PC-1, *Flavobacterium* sp. strain R1534, das *Cyanobacterium* *Synechocystis* sp. PCC6803, *Paracoccus marcusii* oder *Paracoccus carotinifaciens*.

[0238] Bevorzugte Hefen sind *Candida*, *Saccharomyces*, *Hansenula*, *Pichia* oder *Phaffia*. Besonders bevorzugte Hefen sind *Xanthophyllomyces dendrorhous* oder *Phaffia rhodozyma*.

[0239] Bevorzugte Pilze sind *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Ashbya*, *Neurospora*, *Blakeslea*, *Phycomyces*, *Fusarium* oder weitere in Indian Chem. Engr. Section B. Vol. 37, No. 1, 2 (1995) auf Seite 15, Tabelle 6 beschriebene Pilze.

[0240] Bevorzugte Algen sind Grünalgen, wie beispielsweise Algen der Gattung *Haematococcus*, *Phaeodactylum tricornatum*, *Volvox* oder *Dunaliella*. Besonders bevorzugte Algen sind *Haematococcus pluvialis* oder *Dunaliella bardawil*.

[0241] Weitere brauchbare Mikroorganismen und deren Herstellung zur Durchführung des erfindungsgemäß Verfahrens sind beispielsweise aus der DE-A-199 16 140 bekannt, worauf hiermit Bezug genommen wird.

[0242] Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien *Ranunculaceae*, *Berberidaceae*, *Papaveraceae*, *Cannabaceae*, *Rosaceae*, *Fabaceae*, *Linaceae*, *Vitaceae*, *Brassicaceae*, *Cucurbitaceae*, *Primulaceae*, *Caryophyllaceae*, *Amaranthaceae*, *Gentianaceae*, *Geraniaceae*, *Caprifoliaceae*, *Oleaceae*, *Tropaeolaceae*, *Solanaceae*, *Scrophulariaceae*, *Asteraceae*, *Liliaceae*, *Amaryllidaceae*, *Poaceae*, *Orchidaceae*, *Malvaceae*, *Illiaceae* oder *Lamiaceae*.

[0243] Ganz besonders bevorzugte Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Arnica*, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*, *Bignonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheiranthes*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcurbita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hibiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*, *Hypochoeris*, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lilium*, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Maratia*, *Medicago*, *Mimulus*, *Narcissus*, *Oenothera*, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*, *Potentilla*, *Pyracantha*, *Ranunculus*, *Rhododendron*, *Rosa*, *Rudbeckia*, *Senecio*, *Silene*, *Silphium*, *Sinapis*, *Sorbus*, *Spartium*, *Tecoma*, *Torenia*, *Tragopogon*, *Trollius*, *Tropaeolum*, *Tulipa*, *Tussilago*, *Ulex*, *Viola* oder *Zinnia*, besonders bevorzugt ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen *Marigold*, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Lycopersicon*, *Rosa*, *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*, *Petunia*, *Geranium*, *Tropaeolum* oder *Adonis*.

[0244] Ganz besonders bevorzugte genetisch veränderte Pflanzen sind ausgewählt aus den Pflanzengattun-

gen Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Adonis, Lycopersicon, Rosa, Calendula, Physalis, Medicago, Helianthus, Chrysanthemum, Aster, Tulipa, Narcissus, Petunia, Geranium oder Tropaeolum, wobei die genetisch veränderte Pflanze mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthält.

[0245] Die transgenen Pflanzen, deren Vermehrungsgut, sowie deren Pflanzenzellen, -gewebe oder -teile, insbesondere deren Früchte, Samen, Blüten und Blütenblätter sind ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

[0246] Die genetisch veränderten Pflanzen können, wie vorstehend beschrieben, zur Herstellung von Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin verwendet werden.

[0247] Von Menschen und Tieren verzehrbare erfindungsgemäße, genetisch veränderte Organismen, insbesondere Pflanzen oder Pflanzenteile, wie insbesondere Blütenblätter mit erhöhtem Gehalt an Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin können auch beispielsweise direkt oder nach an sich bekannter Prozessierung als Nahrungsmittel oder Futtermittel oder als Futter- und Nahrungsergänzungsmittel verwendet werden.

[0248] Ferner können die genetisch veränderten Organismen zur Herstellung von Ketocarotinoidhaltigen Extrakten der Organismen und/oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln verwendet werden.

[0249] Die genetisch veränderten Organismen weisen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden auf.

[0250] Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird in der Regel ein erhöhter Gehalt an Gesamt-Ketocarotinoid verstanden.

[0251] Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird aber auch insbesondere ein veränderter Gehalt der bevorzugten Ketocarotinoide verstanden, ohne dass zwangsläufig der Gesamt-Carotinoidgehalt erhöht sein muss.

[0252] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform weisen die erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Astaxanthin auf.

[0253] Unter einem erhöhten Gehalt wird in diesem Fall auch ein verursachter Gehalt an Ketocarotinoiden, bzw. Astaxanthin verstanden.

[0254] Die Erfindung betrifft ferner die neuen Ketolasen sowie die neuen Nukleinsäuren, die diese kodieren.

[0255] Insbesondere betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 8 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70%, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 8 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4 nicht enthalten ist. Die Sequenz SEQ ID NO: 4 ist, wie vorstehend erwähnt, als putatives Protein in Datenbanken annotiert.

[0256] Ferner betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 aufweist. Die Sequenz SEQ ID NO: 6 ist, wie vorstehend erwähnt, in Datenbanken nicht annotiert.

[0257] In einer weiteren Ausführungsform betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 12 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70%, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 12 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 6 nicht enthalten ist.

[0258] Ferner betrifft die Erfindung Ketolasen, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 49 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60%, besonders bevorzugt mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 49 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 47 nicht enthalten ist. Die Sequenz SEQ ID NO: 47 ist, wie vorstehend erwähnt, als putatives Protein in Datenbanken annotiert.

[0259] Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäuren, kodierend ein vorstehend beschriebenes Protein, mit der Maßgabe, dass die Nukleinsäure nicht die Sequenz SEQ ID NO: 5 enthält.

[0260] Überraschenderweise wurde gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70%, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

[0261] Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz

SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70%, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

[0262] Ferner wurde überraschenderweise gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65%, vorzugsweise mindestens 70%, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

[0263] Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65%, vorzugsweise mindestens 70%, vorzugsweise mindestens 75%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

[0264] Ferner wurde überraschenderweise gefunden, dass ein Protein enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 47 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60%, vorzugsweise mindestens 70%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 47 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, eine Eigenschaft als Ketolase aufweist.

[0265] Die Erfindung betrifft daher auch die Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 47 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50%, vorzugsweise mindestens 60%, vorzugsweise mindestens 70%, besonders bevorzugt mindestens 80%, bevorzugter mindestens 85%, bevorzugter mindestens 90%, bevorzugter mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 47 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

[0266] Im Vergleich zu den Verfahren des Standes der Technik, liefert das erfindungsgemäße Verfahren eine höhere Menge an Ketocarotinoide, insbesondere Astaxanthin mit einer geringeren Menge an hydroxylierten Nebenprodukten.

[0267] Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

Allgemeine Experimentelle Bedingungen: Sequenzanalyse rekombinanter DNA

[0268] Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-DNA-Sequenziert der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463–5467).

Beispiel 1:

[0269] Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der Ketolase aus *Nostoc* sp. PCC 7120 codiert

[0270] Die DNA, die für die Ketolase aus *Nostoc* PCC 7120 kodiert, wurde mittels PCR aus *Nostoc* PCC 7120 (Stamm der "Pasteur Culture Collection of Cyanobacterium") amplifiziert.

[0271] Für die Präparation von genomicscher DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc* PCC 7120, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄ × 3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄ × H₂O, 0.036 g/l CaCl₂ × 2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1 ml trace metal mix AS+Co (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂ × 4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄ × 7H₂O, 0.39 g/l NaMoO₄ × 2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄ × 5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂ × 6H₂O) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

Protokoll für DNA Isolation aus *Nostoc* PCC7120:

[0272] Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10minütige Zentrifugation bei 8 000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 10 mM Tris HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf Reaktionsgefäß (2 ml Volumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml)

wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neu- es 2 ml-Eppendorf Reaktionsgefäß überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3 mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1110 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und an- schließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Was- ser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C gelöst.

[0273] Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus Nostoc PCC 7120, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus Nostoc PCC 7120 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NOSTF, SEQ ID No. 19) und eines antisense-spezifischen Primers (NOSTG SEQ ID No. 20) amplifiziert.

[0274] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

[0275] Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primär- sequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer Nostoc PCC 7120 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM NOSTF (SEQ ID No. 19)
- 0.2 mM NOSTG (SEQ ID No. 20)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

[0276] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

55°C 1 Minuten

72°C 3 Minuten

1X 72°C 10 Minuten

[0277] Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 19 und SEQ ID No. 20 resultierte in einem 805 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (SEQ ID No. 21). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-T (Promega) kloniert und der Klon pNOSTF-G erhalten.

[0278] Sequenzierung des Klons pNOSTF-G mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz des Datenbankeintrages AP003592 identisch ist. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigem Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidse- quenz im verwendeten Nostoc PCC 7120.

[0279] Dieser Klon pNOSTF-G wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1027 Bp SphI-Fragmentes aus pGEM-T und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der die Ke- tolase von Nostoc in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpep- tid enthält, heisst pJNOST.

Beispiel 2:

[0280] Konstruktion des Plasmides pMCL-CrtYIBZ/idi/gps für die Synthese von Zeaxanthin in E. coli Die Kon- struktion von pMCL-CrtYIBZ/idi/gps erfolgte in drei Schritten über die Zwischenstufen pMCL-CrtYIBZ und pM- CL-CrtYIBZ/idi. Als Vektor wurde das mit high-copy-number Vektoren kompatible Plasmid pMCL200 verwen- det (Nakano, Y., Yoshida, Y., Yamashita, Y. und Koga, T.; Construction of a series of pACYC-derived plasmid vectors; Gene 162 (1995), 157–158).

Beispiel 2.1.: Konstruktion von pMCL-CrtYIBZ

[0281] Die Biosynthesegene crtY, crtB, crtI und crtZ entstammen dem Bakterium *Erwinia uredovora* und wur- den mittels PCR amplifiziert. Genomische DNA von *Erwinia uredovora* (DSM 30080) wurde von der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig) innerhalb eines Service-Dienstes präpariert. Die PCR-Reaktion wurde entsprechend den Angaben des Herstellers durchgeführt (Roche, Long Template PCR: Procedure for amplification of 5–20 kb targets with the expand long template PCR system). Die PCR-Bedingungen für die Amplifikation des Biosyntheseclusters von *Erwinia uredovora* waren die folgenden:

Master Mix 1:

- 1.75 µl dNTPs (Endkonzentration 350 µM)

- 0.3 µM Primer Crt1 (SEQ ID No. 22)
- 0.3 µM Primer Crt2 (SEQ ID No. 23)
- 250–500 ng genomische DNA von DSM 30080

[0282] Aq. Dest. bis zu einem Gesamtvolumen von 50 µl

Master Mix 2:

- 5 µl 10x PCR Puffer 1 (Endkonzentration 1x, mit 1.75 mM Mg2+)
- 10x PCR Puffer 2 (Endkonzentration 1x, mit 2.25 mM Mg2+)
- 10x PCR Puffer 3 (Endkonzentration 1x, mit 2.25 mM Mg2+)
- 0.75 µl Expand Long Template Enzyme Mix (Endkonzentration 2.6 Units)

[0283] Aq. Dest. bis zu einem Gesamtvolumen von 50 µl

[0284] Die beiden Ansätze "Master Mix 1" und "Master Mix 2" wurden zusammenpipetiert. Die PCR wurde in einem Gesamtvolumen von 50 µl unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

30X 94°C 30 Sekunden

58°C 1 Minute

68°C 4 Minuten

1X 72°C 10 Minuten

[0285] Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 22 und SEQ ID No. 23 resultierte in einem Fragment (SEQ ID NO: 24), das für die Gene CrtY (Protein: SEQ ID NO: 25), Crt1 (Protein: SEQ ID NO: 26), crt8 (Protein: SEQ ID NO: 27) und CrtZ (iDNA) kodiert. Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pCR2.1-CrtYIBZ erhalten.

[0286] Das Plasmid pCR2.1-CrtYIBZ wurde Sall und HindIII geschnitten, das resultierende Sall/HindIII-Fragment isoliert und durch Ligierung in den Sall/HindIII geschnittenen Vektor pMCL200 transferiert. Das in pMCL 200 klonierte Sall/HindIII Fragment aus pCR2.1-CrtYIBZ ist 4624 Bp lang, kodiert für die Gene CrtY, Crt1, crtB und CrtZ und entspricht der Sequenz von Position 2295 bis 6918 in D90087 (SEQ ID No. 24). Der resultierende Klon heisst pMCL-CrtYIBZ.

Beispiel 2.2.: Konstruktion von pMCL-CrtYIBZ/idi

[0287] Das Gen idi (Isopentenyldiphosphat-Isomerase; IPP-Isomerase) wurde aus E. coli mittels PCR amplifiziert. Die Nukleinsäure, kodierend das gesamte idi Gen mit idi-Promotor und Ribosomenbindestelle, wurde aus E. coli mittels "polymerase chain reaction" (PCR) unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (5'-idi SEQ ID No. 28) und eines antisense-spezifischen Primers (3'-idi SEQ ID No. 29) amplifiziert.

[0288] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden: Die PCR zur Amplifikation der DNA erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer E. coli TOP10- Suspension
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM 5'-idi (SEQ ID No. 28)
- 0.2 mM 3'-idi (SEQ ID No. 29)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0289] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

20X 94°C 1 Minute

62°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

[0290] Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 28 und SEQ ID No. 29 resultierte in einem 679 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (SEQ ID No. 30). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pCR2.1-idi erhalten.

[0291] Sequenzierung des Klons pCR2.1-idi bestätigte eine Sequenz, die sich nicht von der publizierten Sequenz AE000372 in Position 8774 bis Position 9440 unterscheidet. Diese Region umfaßt die Promotor-Region, die potentielle Ribosomenbindestelle und den gesamten "open reading frame" für die IPP-Isomerase. Das in

pCR2.1-idi klonierte Fragment hat durch das Einfügen einer Xhol-Schnittstelle am 5'-Ende und einer Sall-Schnittstelle am 3'-Ende des idi-Gens eine Gesamtlänge von 679 Bp.

[0292] Dieser Klon wurde daher für die Klonierung des idi-Gens in den Vektor pMCL-CrtYIBZ verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des Xhol/Sall-Fragmentes aus pCR2.1-idi und Ligierung in den Xhol/Sall geschnittenen Vektor pMCL-CrtYIBZ. Der resultierende Klon heisst pMCL-CrtYIBZ/idi.

Beispiel 2.3.: Konstruktion von pMCL-CrtYIBZ/idi/gps

[0293] Das Gen gps (Geranylgeranylpyrophosphat-Synthase; GGPP-Synthase) wurde aus Archaeoglobus fulgidus mittels PCR amplifiziert. Die Nukleinsäure, kodierend gps aus Archaeoglobus fulgidus, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (5'-gps SEQ ID No. 32) und eines antisense-spezifischen Primers (3'-gps SEQ ID No. 33) amplifiziert.

[0294] Die DNA von Archaeoglobus fulgidus wurde von der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig) innerhalb eines Service-Dienstes präpariert. Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

[0295] Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein GGPP-Synthase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer Archaeoglobus fulgidus-DNA
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM 5'-gps (SEQ ID No. 32)
- 0.2 mM 3'-gps (SEQ ID No. 33)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0296] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

20X 94°C 1 Minute

56°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

[0297] Das mittels PCR und den Primern SEQ ID No. 32 und SEQ ID No. 33 amplifizierte DNA-Fragment wurde mit an sich bekannten Methoden aus dem Agarosegel eluiert und mit den Restriktionsenzymen Ncol und HindIII geschnitten. Daraus resultiert ein 962 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (SEQ ID No. 34). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Ncol/HindIII geschnittene Amplifikat in den Vektor pCB97-30 kloniert und der Klon pCB-gps erhalten.

[0298] Sequenzierung des Klons pCB-gps bestätigte eine Sequenz für die GGPP-Synthase aus A. fulgidus, die sich von der publizierten Sequenz AF120272 in einem Nukleotid unterscheidet. Durch das Einfügen einer Ncol-Schnittstelle im gps-Gen wurde das zweite Kodon der GGPP-Synthase verändert. In der publizierten Sequenz AF120272 kodiert CTG (Position 4-6) für Leucin. Durch die Amplifikation mit den beiden Primern SEQ ID No. 32 und SEQ ID No. 33 wurde dieses zweite Kodon in GTG verändert, welches für Valin kodiert.

[0299] Der Klon pCB-gps wurde daher für die Klonierung des gps-Gens in den Vektor pMCL-CrtYIBZ/idi verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des KpnI/Xhol-Fragmentes aus pCB-gps und Ligierung in den KpnI und Xhol geschnittenen Vektor pMCL-CrtYIBZ/idi. Das klonierte KpnI/Xhol-Fragment (SEQ ID No. 34) trägt den Prrn16-Promotor zusammen mit einer minimalen 5'-UTR-Sequenz von rbcL, den ersten 6 Kodons von rbcL, die die GGPP-Synthase N-terminal verlängern, und 3' vom gps-Gen die psbA-Sequenz. Der N-Terminus der GGPP-Synthase hat somit anstelle der natürlichen Aminosäure-Abfolge mit Met-Leu-Lys-Glu (Aminosäure 1 bis 4 aus AF120272) die veränderte Aminosäure-Abfolge Met-Thr-Pro-Gln-Thr-Ala-Mei-Val-Lys-Glu. Daraus resultiert, dass die rekombinante GGPP-Synthase, beginnend mit Lys in Position 3 (in AF120272) identisch ist und keine weiteren Änderungen in der Aminosäuresequenz aufweist. Die rbcL- und psbA-Sequenzen wurden gemäß einer Referenz nach Eibl et al. (Plant J. 19. (1999), 1–13) verwendet. Der resultierende Klon heisst pMCL-CrtYIBZ/idi/gps.

Beispiel 3:

Biotransformation von Zeaxanthin in rekombinanten E. coli-Stämmen

[0300] Zur Zeaxanthin-Biotransformation wurden rekombinante E. coli-Stämme hergestellt, welche durch heterologe Komplementation zur Zeaxanthin-Produktion befähigt sind. Stämme von E. coli TOP10 wurden als Wirtszellen für die Komplementationsexperimente mit den Plasmiden pNOSTF-G und pMCL-CrtYIBZ/idi/gps

verwendet.

[0301] Um *E. coli*-Stämme herzustellen, die die Synthese von Zeaxanthin in hoher Konzentration ermöglichen, wurde das Plasmid pMCL-CrtYIBZ/idi/gps konstruiert. Das Plasmid trägt die Bioynthesegene crtY, crt8, crtI und crtY von *Erwinia uredovora*, das Gen gps (für Geranylgeranylpyrophosphat-Synthetase) aus *Archaeoglobus fulgidus* und das Gen idi (Isopentenyldiphosphat-Isomerase) aus *E. coli*. Mit diesem Konstrukt wurden limitierende Schritte für eine hohe Akkumulation von Carotinoiden und deren biosynthetischen Vorstufen beseitigt. Dies wurde zuvor von Wang et al. in ähnlicher Weise mit mehreren Plasmiden beschrieben (Wang, C.-W., Oh, M.-K. und Liao, J.C.; Engineered isoprenoid pathway enhances astaxanthin production in *Escherichia coli*, *Biotechnology and Bioengineering* 62 (1999), 235–241).

[0302] Kulturen von *E. coli* TOP10 wurden in an sich bekannter Weise mit den beiden Plasmiden pNOSTF-G und pMCL-CrtYIBZ/idi/gps transformiert und in LB-Medium bei 30°C bzw. 37°C über Nacht kultiviert. Ampicillin (50 µg/ml), Chloramphenicol (50 µg/ml) und Isopropyl-β-thiogalactosid (1 mmol) wurden in an sich üblicher Weise ebenfalls über Nacht zugegeben.

[0303] Zur Isolierung der Carotinoide aus den rekombinanten Stämmen wurden die Zellen mit Aceton extrahiert, das organische Lösungsmittel zur Trockne eingedampft und die Carotinoide mittels HPLC über eine C30-Säule aufgetrennt. Folgende Verfahrensbedingungen wurden eingestellt.

[0304] Trennsäule: Prontosil C30-Säule, 250 × 4,6 mm, (Bischoff, Leonberg)

Flussrate: 1.0 ml/min

Eluenten: Laufmittel A – 100% Methanol

Laufmittel B – 80% Methanol, 0.2% Ammoniumacetat

Laufmittel C – 100% t-Butyl-methylether

Gradientprofil:

Zeit	Flussrate	% Laufmittel A	% Laufmittel B	% Laufmittel C
1.00	1.0	95.0	5.0	0
1.05	1.0	80.0	5.0	15.0
14.00	1.0	42.0	5.0	53.0
14.05	1.0	95.0	5.0	0
17.00	1.0	95.0	5.0	0
18.00	1.0	95.0	5.0	0

Detektion: 300–500 nm

[0305] Die Spektren wurden direkt aus den Elutionspeaks unter Verwendung eines Photodiodenarraydetektors bestimmt. Die isolierten Substanzen wurden über ihre Absorptionsspektren und ihre Retentionszeiten im Vergleich zu Standardproben identifiziert.

[0306] Abb. 1 zeigt die chromatographische Analyse einer Probe erhalten aus einem mit pNOSTF-G und pMCL-CrtYIBZ/idi/gps transformierten *E. coli*-Stamm. Es zeigt sich, daß dieser Stamm aufgrund der heterologen Komplementation verschiedene Ketocarotinoide synthetisieren kann. Mit zunehmender Retentionszeit werden Astaxanthin (Peak 1), Adonirubin (Peak 2) und Canthaxanthin (Peak 3) eluiert.

Beispiel 3.1

Vergleichsbeispiel

[0307] Analog zu den vorhergehenden Beispielen wurde als Vergleichsbeispiel ein *E. coli*-Stamm hergestellt, der eine Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille exprimiert. Dazu wurde die cDNA die für die gesamte Primärsequenz der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille codiert amplifiziert und gemäß Beispiel 1 in den gleichen Expressionsvektor kloniert.

[0308] Die cDNA, die für die Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* codiert, wurde mittels PCR aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80 der "Sammlung von Algenkulturen der Universität Göttingen") Suspensionskultur amplifiziert. Für die Präparation von Total-RNA aus einer Suspensionskultur von *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80), die 2 Wochen mit indirektem Tageslicht bei Raumtemperatur in *Haematococcus*-Medium (1.2 g/l Natriumacetat, 2 g/l Hefeextrakt, 0.2 g/l MgCl₂ × 6H₂O, 0.02 CaCl₂ × 2H₂O; pH 6.8; nach Autoklavieren Zugabe von 400 mg/l L-Asparagin, 10 mg/l FeSO₄ × H₂O) gewachsen war, wurden die Zellen geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert. Anschließend wurden 100 mg der gefrorenen, pul-

verisierten Algenzellen in ein Reaktionsgefäß überführt und in 0.8 ml Trizol-Puffer (LifeTechnologies) aufgenommen. Die Suspension wurde mit 0.2 ml Chloroform extrahiert. Nach 15 minütiger Zentrifugation bei 12 000 g wurde der wässrige Überstand abgenommen und in ein neues Reaktionsgefäß überführt und mit einem Volumen Ethanol extrahiert. Die RNA wurde mit einem Volumen Isopropanol gefällt, mit 75% Ethanol gewaschen und das Pellet in DEPC Wasser (über Nacht Inkubation von Wasser mit 1/1000 Volumen Diethylpyrocarbonat bei Raumtemperatur, anschließend autoklaviert) gelöst. Die RNA-Konzentration wurde photometrisch bestimmt.

[0309] Für die cDNA-Synthese wurden 2.5 µg Gesamt-RNA für 10 min bei 60°C denaturiert, für 2 min auf Eis abgekühlt und mittels eines cDNA-Kits (Ready-to-go-you-prime-beads, Pharmacia Biotech) nach Herstellerangaben unter Verwendung eines antisense spezifischen Primers PR1 (gcaagctcga cagctacaaa cc) in cDNA umgeschrieben.

[0310] Die Nukleinsäure codierend eine Ketolase aus Haematococcus pluvialis (Stamm 192.80) wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus Haematococcus pluvialis unter Verwendung eines sense spezifischen Primers PR2 (gaagcatgca gctagcagcg acag) und eines antisense spezifischen Primers PR1 amplifiziert.

[0311] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

[0312] Die PCR zur Amplifikation der cDNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz codiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 4 µl einer Haematococcus pluvialis cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR1
- 0.2 mM PR2
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

[0313] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

53°C 2 Minuten

72°C 3 Minuten

1X 72°C 10 Minuten

[0314] Die PCR-Amplifikation mit PR1 und PR2 resultierte in einem 1155 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz codiert:

gaagcatgca gctagcagcg acagtaatgt tggaggcagct taccggaaagc gctgaggcac	60
tcaaggagaa ggagaaggag gttgcaggca gctctgacgt gttgcgtaca tgggcgaccc	120
agtactcgct tccgtcagag gagtcagacg cggcccgccc gggactgaag aatgcctaca	180
agccaccacc ttccgacaca aagggcatca caatggcgtc agctgtcatac ggctcctggg	240
ccgcagtgtt ctcacacgccc atttttcaaa tcaagcttcc gaccccttgc gaccagctgc	300
actggctgccc cgtgtcagat gccacagctc agctggtag cggcagcagc aacctgctgc	360
acatcgtcgt agtattctt gtcctggagt tcctgtacac aggccctttt atcaccacgc	420
atgatgtat gcatggcacc atcggccatga gaaacaggca gcttaatgac ttcttggca	480
gagttatgtcat ctccttgtac gcctggtttgc attacaacat gctgcaccgc aagcattggg	540
agcaccacaa ccacactggc gaggtgggcaggca aggaccctga cttccacagg ggaaaccctg	600
gcatttgtcc ctggtttgcgc agcttcatgt ccacgtacat gtcgatgtgg cagtttgcgc	660
gcctcgtcatgt gttggacgggt gtcatgcgc tgctgggtgc gccaatggcg aacctgctgg	720
tgttcatggc ggccgcgcgc accctgtccg cttccgtctt gttctacttt ggcacgtaca	780
tgcacccacaa gcctgagccct ggcgcgcgcgt caggctttc accagccgtc atgaactgg	840
ggaagtgcgc cactagccag gctgtccgacc tggtcagctt tctgaccatgc taccacttgc	900
acctgcactg ggagcaccac cgctggccct ttggccctg gtggagctg cccaaactgcc	960

gcccctgtc tggcccgagggt ctggttcctg cctagctgga cacactgcag tggccctgc	1020
tgccagctgg gcatgcagggt tggcaggta ctgggtgagg tgaaaagctg caggcgctgc	1080
tgccggacac gctgcattggg ctaccctgtg tagctgccgc cactagggga gggggtttgc	1140
agctgtcgag cttc	

[0315] Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-Teasy (Promega) kloniert und der Klon pGKET02 erhalten.

[0316] Sequenzierung des Klons pGKET02 mit dem T7- und dem SP6-Primer bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich in den drei Codons 73, 114 und 119 in je einer Base von der publizierten Sequenz X86782 unterscheidet. Diese Nukleotidaustausche wurden in einem unabhängigem Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die Nukleotidsequenz im verwendeten Haematococcus pluvialis Stamm 192.80.

[0317] Dieser Klon wurde für die Klonierung in den unter Beispiel 1 beschriebenen Expressionsvektor ver-

wendet. Die Klonierung erfolgte analog wie in Beispiel 1 beschrieben. Die Transformation der E.coli Stämme, deren Kultivierung und die Analyse des Carotinoidprofils erfolgte wie in Beispiel 3 beschrieben.

[0318] Abb. 2 zeigt die chromatographische Analyse einer Probe erhalten aus einem mit diesem Expressionsvektor und pMCL-CrtYIBZ/idlgps transformierten E. coli-Stamm. Unter Verwendung einer Ketolase aus *Haematococcus pluvialis*, wie beispielsweise in EP 725137 beschrieben, eluieren mit zunehmender Retentionszeit Astaxanthin (Peak 1), Adonixanthin (Peak 2) und nicht umgesetztes Zeaxanthin (Peak 3). Dieses Carotinoidprofil wurde bereits in EP 0725137 beschrieben.

[0319] Tabelle 1 zeigt einen Vergleich der bakteriell produzierten Carotinoidmengen:

[0320] Tabelle 1: Vergleich der bakteriellen Ketocarotinoid-Synthese bei Verwendung zweier verschiedener Ketolasen, der erfindungsgemäßen Ketolase aus *Nostoc* sp. Strain PCC7120 (Beispiel 3) und der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* als Vergleichsbeispiel (Beispiel 3.1). Carotinoidmengen sind in ng/ml Kulturflüssigkeit angegeben.

Ketolase aus	Astaxanthin	Adonirubin	Adonixanthin	Canthaxanthin	Zeaxanthin
<i>Haematococcus pluvialis</i>	13		102		738
<i>Flotow em. Wille</i> (Vergleichsbeispiel)					
<i>Nostoc</i> sp. Strain PCC7120	491	186		120	

[0321] Die erfindungsgemäße Expression der Ketolase aus *Nostoc* sp. Strain PCC7120 führt zu einem Carotinoidmuster, welches sich von dem Carotinoidmuster nach Expression einer Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* deutlich unterscheidet. Während die Ketolase aus dem Stand der Technik nur sehr unvollständig das gewünschte Ketocarotinoid Astaxanthin liefert, ist Astaxanthin bei der Verwendung der erfindungsgemäßen Ketolase das Hauptprodukt. Im erfindungsgemäßen Verfahren treten hydroxylierte Nebenprodukte in einer deutlich geringeren Menge auf.

Beispiel 4:

[0322] Herstellung von Expressionsvektoren zur konstitutiven Expression der *Nostoc* sp. PCC 7120 Ketolase in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

[0323] Die Expression der Ketolase aus *Nostoc* in *L. esculentum* und in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle des konstitutiven Promoters FNR (Ferredoxin NADPH Oxidoreductase) aus *Arabidopsis thaliana*. Die Expression erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240: 709-715).

[0324] Das DNA Fragment, das die FNR Promotorregion -635 bis -1 aus *Arabidopsis thaliana* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomicscher DNA (nach Standardmethoden aus *Arabidopsis thaliana* isoliert) sowie der Primer FNR-1 (SEQ ID No. 38) und FNR-2 (SEQ ID No. 39) hergestellt.

[0325] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

[0326] Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das FNR-Promotorfragment FNR1-2 (-635 bis -1) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 100 ng genomicscher DNA aus *A. thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM FNR-1 (SEQ ID No. 38)
- 0.2 mM FNR-2 (SEQ ID No. 39)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0327] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

[0328] Das 653 bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pFNR erhalten.

[0329] Sequenzierung des Klons pFNR bestätigte eine Sequenz, die mit einem Sequenzabschnitt auf Chromosom 5 von *Arabidopsis thaliana* (Datenbankeintrag AB011474) von Position 70127 bis 69493 überein-

stimmt. Das Gen beginnt bei Basenpaar 69492 und ist mit "Ferredoxin-NADP+ Reductase" annotiert.

[0330] Dieser Klon heisst pFNR und wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

[0331] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 635 by SacI-HindIII Fragmentes aus pFNR und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der den Promoter FNR anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJITFNR.

[0332] Zur Herstellung einer Expressionskassette pJFNRNOST wurde das 805 by SpHI-Fragment NOSTF-G (in Beispiel 1 beschrieben) in den SpHI geschnittenen Vektor pJITFNR kloniert. Der Klon, der das Fragment NOSTF-G in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJFNRNOST.

[0333] Die Herstellung einer Expressionskassette für die Agrobacterium vermittelte Transformation der Ketolase aus Nostoc in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

[0334] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3FNRNOST wurde das 2.4 Kb SacI-Xhol Fragment (partielle SacI Hydrolyse) aus pJFNRNOST mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (**Abb. 3**, Konstruktkarte). In der **Abb. 3** beinhaltet Fragment FNR-Promotor den FNR Promotor (655 bp), Fragment rbcS TransitPeptid das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment Nost Ketolase (799 bp) die gesamte Primärsequenz, kodierend für die Nostoc Ketolase, Fragment 35S Terminator (761 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

[0335] Die Herstellung einer Expressionskassette für die Agrobacterium-vermittelte Transformation des Expressionsvektors mit der Ketolase aus Nostoc in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

[0336] Zur Herstellung des *Tagetes*-Expressionsvektors pSSFNRNOST wurde das 2.4 Kb SacI-Xhol Fragment (partielle SacI Hydrolyse) aus pJFNRNOST mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUNS ligiert (**Abb. 4**, Konstruktkarte). In der **Abb. 4** beinhaltet Fragment FNR Promotor den duplizierten FNR Promotor (655 bp), Fragment rbcS Transit Peptid das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment Nost Ketolase (799 bp) die gesamte Primärsequenz, kodierend für die Nostoc Ketolase, Fragment 35S Terminator (761 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

Beispiel 5:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der Nostoc sp. PCC 7120 Ketolase in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

[0337] Die Expression der Ketolase aus Nostoc in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240: 709–715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle einer modifizierten Version AP3P des blütenspezifischen Promoters AP3 aus *Arabidopsis thaliana* (AL132971: Nukleotidregion 9298–10200; Hill et al. (1998) Development 125: 1711–1721).

[0338] Das DNA Fragment, das die AP3 Promoterregion –902 bis +15 aus *Arabidopsis thaliana* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomicscher DNA (nach Standardmethoden aus *Arabidopsis thaliana* isoliert) sowie der Primer AP3-1 (SEQ ID No. 41) und AP3-2 (SEQ ID No. 42) hergestellt.

[0339] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

[0340] Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das AP3-Promoterfragment (–902 bis +15) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 100 ng genomicscher DNA aus *A. thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM AP3-1 (SEQ ID No. 41)
- 0.2 mM AP3-2 (SEQ ID No. 42)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0341] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

[0342] Das 929 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pAP3 erhalten.

[0343] Sequenzierung des Klons pAP3 bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich in durch eine Insertion (ein

G in Position 9765 der Sequenz AL132971) und einen Basenaustausch (ein G statt ein A in Position 9726 der Sequenz AL132971) von der publizierten AP3 Sequenz (AL132971, Nukleotidregion 9298-10200) unterscheidet. Diese Nukleotidunterschiede wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die tatsächliche Nukleotidsequenz in den verwendeten *Arabidopsis thaliana* Pflanzen.

[0344] Die modifizierte Version AP3P wurde mittels rekombinanter PCR unter Verwendung des Plasmids pAP3 hergestellt. Die Region 10200-9771 wurde mit den Primern AP3-1 (SEQ ID No. 41) und Primem AP3-4 (SEQ ID No. 44) amplifiziert (Amplifikat A1/4), die Region 9526-9285 wurde mit den AP3-3 (SEQ ID No. 43) und AP3-2 (SEQ ID No. 42) amplifiziert (Amplifikat A2/3).

[0345] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

[0346] Die PCR-Reaktionen zur Amplifikation der DNA-Fragmente, die die Regionen Region 10200-9771 und Region 9526-9285 des AP3 Promoters beinhalten, erfolgte in 50 µl Reaktionsansätzen, in denen enthalten war:

- 100 ng AP3 Amplifikat (oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM sense Primer (AP3-1 SEQ ID No. 41 bzw. AP3-3 SEQ ID No. 43)
- 0.2 mM antisense Primer (AP3-4 SEQ ID No. 44 bzw. AP3-2 SEQ ID No. 42)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0347] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

[0348] Die rekombinante PCR beinhaltet Annealing der sich über eine Sequenz von 25 Nukleotiden überlappenden Amplifikate A1/4 und A2/3, Vervollständigung zu einem Doppelstrang und anschließende Amplifizierung. Dadurch entsteht eine modifizierte Version des AP3 Promoters, AP3P, in dem die Positionen 9670-9526 deletiert sind. Die Denaturierung (5 min bei 95°C) und Annealing (langsame Abkühlung bei Raumtemperatur auf 40°C) beider Amplifikate A1/4 und A2/3 erfolgte in einem 17.6 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 0.5 µg A1/4 Amplifikat
- 0.25 µg A2/3 Amplifikat

[0349] Das Auffüllen der 3'-Enden (30 min bei 30°C) erfolgte in einem 20 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 17.6 µl A1/4 und A2/3-Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 50 µM dNTPs
- 2 µl 1X Klenow Puffer
- 2U Klenow Enzym

[0350] Die Nukleinsäure kodierend für die modifizierte Promoterversion AP3P wurde mittels PCR unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (AP3-1 SEQ ID No. 41) und eines antisense spezifischen Primers (AP3-2 SEQ ID No. 42) amplifiziert.

[0351] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

[0352] Die PCR zur Amplifikation des AP3P Fragmentes erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM AP3-1(SEQ ID No. 41)
- 0.2 mM AP3-2 (SEQ ID No. 42)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0353] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X 72°C 10 Minuten

[0354] Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 41 (AP3-1) und SEQ ID No. 42 (AP3-2) resultierte in einem 783 Bp Fragment, das für die modifizierte Promoterversion AP3P kodiert. Das Amplifikat wurde in den Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pAP3P erhalten. Sequenzierungen mit den Primern T7 und M13 bestätigten eine zur Sequenz AL132971, Region 10200-9298 identische Sequenz, wobei die interne Region 9285-9526 deletiert wurde. Diese Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

[0355] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 783 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pAP3P und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der den Promoter AP3P anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heißt pJITAP3P. Zur Herstellung einer Expressionskassette pJAP3NOST wurde das 805 Bp SpHI-Fragment NOSTF-G (in Beispiel 1 beschrieben) in den SpHI geschnittenen Vektor pJITAP3P kloniert. Der Klon, der das Fragment NOSTF-G in der korrekten Orientierung als N-terminalen Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heißt pJAP3PNOST.

[0356] Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der AP3P-kontrollierten Ketolase aus Nostoc in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02100900).

[0357] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3AP3PNOST wurde das 2.6 KB bp SacI-Xhol Fragment (partielle SacI Hydrolyse) aus pJAP3NOST mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (Abb. 5, Konstruktkafe). In der Abb. 5 beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (783 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (207 bp), Fragment NOSTF-G (792 bp) die gesamte Primärsequenz kodierend für die Nostoc Ketolase, Fragment term (795 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

[0358] Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der AP3P-kontrollierten Ketolase aus Nostoc in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

[0359] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5AP3PNOST wurde das 2.6 KB bp SacI-Xhol (partielle SacI Hydrolyse) Fragment aus pS3AP3PNOST mit dem SacI-Xhol geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abb. 6, Konstruktkafe). In der Abb. 6 beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (783 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (207 bp), Fragment NOSTF-G (792 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die Nostoc Ketolase, Fragment term (795 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

Beispiel 6:

Herstellung transgener *Lycopersicon esculentum* Pflanzen

[0360] Transformation und Regeneration von Tomatenpflanzen erfolgte nach der publizierten Methode von Ling und Mitarbeitern (Plant Cell Reports (1998), 17: 843-847). Für die Varietät Microtom wurde mit höherer Kanamycin-Konzentration (100 mg/L) selektiert.

[0361] Als Ausgangsexplantat für die Transformation dienten Kotyledonen und Hypokotyle sieben bis zehn Tage alter Keimlinge der Linie Microtom. Für die Keimung wurde das Kulturmedium nach Murashige und Skoog (1962: Murashige and Skoog, 1962, Physiol. Plant 15, 473-) mit 2% Saccharose, pH 6, 1 verwendet. Die Keimung fand bei 21°C bei wenig Licht (20-100 µE) statt. Nach sieben bis zehn Tagen wurden die Kotyledonen quer geteilt und die Hypokotyle in ca. 5-10 mm lange Abschnitte geschnitten und auf das Medium MSBN (MS, pH 6,1, 3% Saccharose + 1 mg/l BAP, 0,1 mg/l NAA) gelegt, das am Vortag mit suspensionskultivierten Tomatenzellen beschickt wurde. Die Tomatenzellen wurden luftblasenfrei mit sterilem Filterpapier abgedeckt. Die Vorkultur der Explantate auf dem beschriebenen Medium erfolgte für drei bis fünf Tage. Zellen des Stammes Agrobakterium tumefaciens LBA4404 wurden einzeln mit den Plasmiden pS3FNRNOST und pS3AP3NOST transformiert. Von den einzelnen mit den Binärvektoren pS3FNRNOST und pS3AP3NOST transformierten Agrobakterium-Stämmen wurde jeweils eine Übernachtkultur in YEB Medium mit Kanamycin (20 mg/l) bei 28°C kultiviert und die Zellen zentrifugiert. Das Bakterienpellet wurde mitflüssigem MS Medium (3% Saccharose, pH 6,1) resuspendiert und auf eine optische Dichte von 0,3 (bei 600 nm) eingestellt. Die vorkultivierten Explantate wurden in die Suspension überführt und für 30 Minuten bei Zimmertemperatur unter leichtem Schütteln inkubiert. Anschließend wurden die Explantate mit sterilem Filterpapier getrocknet und für die dreitägige Co-Kultur (21°C) auf ihr Vorkulturmedium zurück gelegt.

[0362] Nach der Co-kultur wurden die Explantate auf MSZ2 Medium (MS pH 6,1 + 3% Saccharose, 2 mg/l Zeatin, 100 mg/l Kanamycin, 160 mg/l Timentin) transferiert und für die selektive Regeneration bei 21°C unter Schwachlicht Bedingungen (20-100 µE, Lichtrhythmus 16h/8h) aufbewahrt. Aller zwei bis drei Wochen erfolgte der Transfer der Explantate bis sich Sprosse bilden. Kleine Sprosse konnten vom Explantat abgetrennt werden und auf MS (pH 6,1 + 3% Saccharose) 160 mg/l Timentin, 30 mg/l Kanamycin, 0,1 mg/l IAA bewurzelt werden. Bewurzelte Pflanzen wurden ins Gewächshaus überführt.

[0363] Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Expressionskon-

rukten folgende Linien erhalten:

Mit pS3FNRNOST wurde erhalten: ms 101-1, ms101-2, ms101-3

Mit pS3AP3NOST wurde erhalten: ms 102-1, ms102-2, ms102-3

Beispiel 7:

Herstellung transgener Tagetes Pflanzen

[0364] Tagetessamen werden sterilisiert und auf Keimungsmedium (MS-Medium; Murashige and Skoog, Physiol. Plant. 15 (1962), 473–497) pH 5,8, 2% Saccharose) aufgelegt. Die Keimung erfolgt in einem Temperatur/Licht/Zeitintervall von 18–28°C/20–200 µE/3–16 Wochen, bevorzugt jedoch bei 21°C, 20–70 µE, für 4–8 Wochen.

[0365] Alle Blätter der sich bis dahin entwickelten *in vitro* Pflanzen werden geerntet und quer zur Mittelrippe geschnitten. Die dadurch entstehenden Blattexplantate mit einer Größe von 10–60 mm² werden im Verlaufe der Präparation in flüssigem MS – Medium bei Raumtemperatur für maximal 2 h aufbewahrt.

[0366] Ein beliebiger Agrobakterium *tumefaciens* Stamm, bevorzugt aber ein supervirulenter Stamm, wie z.B. EHA105 mit einem entsprechenden Binärplasmid, das ein Selektionsmarkergen (bevorzugt bar oder pat) sowie ein oder mehrere Trait- oder Reportergene tragen kann (pS5FNRNOST und pS5AP3NOST), über Nacht angezogen und für die Co-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet. Die Anzucht des Bakterienstammes kann wie folgt erfolgen: Eine Einzelkolonie des entsprechenden Stammes wird in YEB (0,1% Hefeextrakt, 0,5% Rindfleischextrakt, 0,5% Pepton, 0,5% Saccharose, 0,5% Magnesiumsulfat × 7 H₂O) mit 25 mg/l Kanamycin angeimpft und bei 28°C für 16 bis 20 h angezogen. Anschließend wird die Bakteriensuspension durch Zentrifugation bei 6000 g für 10 min geerntet und derart in flüssigem MS Medium resuspendiert, daß eine OD₆₀₀ von ca. 0,1 bis 0,8 entstand. Diese Suspension wird für die C-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet.

[0367] Unmittelbar vor der Co-Kultivierung wird das MS-Medium, in dem die Blätter aufbewahrt worden sind, durch die Bakteriensuspension ersetzt. Die Inkubation der Blättchen in der Agrobakteriensuspension erfolgte für 30 min unter leichtem Schütteln bei Raumtemperatur. Anschließend werden die infizierten Explantate auf ein mit Agar (z.B. 0,8% Plant Agar (Duchefa, NL) verfestigtes MS-Medium mit Wachstumsregulatoren, wie beispielsweise 3 mg/l Benzylaminopurin (BAP) sowie 1 mg/l Indolylessigsäure (IAA) aufgelegt. Die Orientierung der Blätter auf dem Medium ist bedeutungslos. Die Kultivierung der Explantate findet für 1 bis 8 Tage, bevorzugt aber für 6 Tage statt, dabei können folgende Bedingungen angewendet werden: Lichtintensität: 30–80 µMol/m² × sec, Temperatur: 22–24°C, hell/dunkel Wechsel von 16/8 Stunden. Anschließend werden die co-kultivierten Explantate auf frisches MS-Medium, bevorzugt mit den gleichen Wachstumsregulatoren übertragen, wobei dieses zweite Medium zusätzlich ein Antibiotikum zur Unterdrückung des Bakterienwachstums enthält. Timentin in einer Konzentration von 200 bis 500 mg/l ist für diesen Zweck sehr geeignet. Als zweite selektive Komponente wird eine für die Selektion des Transformationserfolges eingesetzt. Phosphinothricin in einer Konzentration von 1 bis 5 mg/l selektiert sehr effizient, aber auch andere selektive Komponenten gemäß des zu verwendenden Verfahrens sind denkbar.

[0368] Nach jeweils ein bis drei Wochen erfolgt der Transfer der Explantate auf frisches Medium bis sich Sproßknospen und kleine Sprosse entwickeln, die dann auf das gleiche Basalmedium einschließlich Timentin und PPT oder alternative Komponenten mit Wachstumsregulatoren, nämlich z.B. 0,5 mg/l Indolylbuttersäure (IBA) und 0,5 mg/l Gibberellinsäure GA₃, zur Bewurzelung übertragen werden. Bewurzelte Sprosse können ins Gewächshaus überführt werden.

[0369] Zusätzlich zu der beschriebenen Methode sind folgende vorteilhafte Modifikationen möglich:

[0370] Bevor die Explantate mit den Bakterien infiziert werden, können sie für 1 bis 12 Tage, bevorzugt 3–4, auf das oben beschriebene Medium für die Co-Kultur vorinkubiert werden. Anschließend erfolgt die Infektion, Co-Kultur und selektive Regeneration wie oben beschrieben.

[0371] Der pH Wert für die Regeneration (normalerweise 5,8) kann auf pH 5,2 gesenkt werden. Dadurch wird die Kontrolle des Agrobakterienwachstums verbessert.

[0372] Die Zugabe von AgNO₃ (3–10 mg/l) zum Regenerationsmedium verbessert den Zustand der Kultur einschließlich der Regeneration selbst.

[0373] Komponenten, die die Phenolbildung reduzieren und dem Fachmann bekannt sind, wie z.B. Zitronensäure, Ascorbinsäure, PVP u.v.a.m., wirken sich positiv auf die Kultur aus.

[0374] Für das gesamte Verfahren kann auch flüssiges Kulturmedium Verwendung finden. Die Kultur kann auch auf handelsüblichen Trägern, die auf dem flüssigen Medium positioniert werden inkubiert werden.

[0375] Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Expressionskonstrukten folgende Linien erhalten:

[0376] Mit pSSFNRNOST wurde beispielsweise erhalten: ms 103-1, ms103-2, ms103-3, mit pS5AP3NOST wurde beispielsweise erhalten: ms 104-1, ms104-2, ms104-3

Beispiel 9

Charakterisierung der transgenen Pflanzenblüten

Beispiel 9.1

Trennung von Carotinoideestern in Blütenblättern ti-ansgener Pflanzen

Allgemeine Arbeitsvorschrift:

[0377] Die Blütenblätter der transgenen Pflanzen werden in flüssigem Stickstoff gemörser und das Petalenpulver (etwa 40 mg) mit 100% Aceton extrahiert (dreimal je 500 µl). Das Lösungsmittel wird evaporiert und die Carotinoide in 100–200 µl Petrolether/Aceton (5:1, v/v) resuspendiert.

[0378] Die Carotinoide werden in konzentrierter Form mittels Dünnschicht-Chromatographie (TLC) auf Silica60 F254-Platten (Merck) in einem organischen Laufmittel (Petrolether/Aceton; 5:1) entsprechend ihrer Phobizität aufgetrennt. Gelbe (Xanthophyllester), rote (Ketocarotinoidester) und orange Banden (Mischung aus Xanthophyll- und Ketocarotinoidestern) auf der TLC werden ausgekratzt.

[0379] Die an Silica gebundenen Carotinoide werden dreimal mit 500 µl Aceton eluiert, das Lösungsmittel evaporiert und die Carotinoide mittels HPLC aufgetrennt und identifiziert.

[0380] Mittels einer C30-reverse phase-Säule kann zwischen Mono- und Diestern der Carotinoide unterschieden werden. HPLC-Laufbedingungen waren nahezu identisch mit einer publizierten Methode (Frazer et al.(2000), Plant Journal 24 (4): 551–558). Folgende Verfahrensbedingungen wurden eingestellt.

[0381] Trennsäule: Prontosil C30-Säule, 250 × 4,6 mm, (Bischoff, Leonberg)

Flussrate: 1.0 ml/min

Eluenten: Laufmittel A – 100% Methanol

Laufmittel B – 80% Methanol, 0.2% Ammoniumacetat

Laufmittel C – 100% t-Butyl-methylether

Gradientprofil:

Zeit	Flussrate	% Laufmittel A	% Laufmittel B	% Laufmittel C
12.0	1.0	95.0	5.0	0
12.1	1.0	80.0	5.0	15.0
22.0	1.0	76.0	5.0	19.0
22.0	1.0	66.5	5.0	28.5
38.0	1.0	15.0	5.0	80.0
45.0	1.0	95.0	5.0	0
46.0	1.0	95.0	5.0	0
46.1	1.0	95.0	5.0	0

Detektion: 300–500 nm

[0382] Eine Identifizierung der Carotinoide ist aufgrund der UV-VIS-Spektren möglich.

[0383] Petalenmaterial der transgenen Tomatenpflanzen wird gemörser und mit Aceton extrahiert. Extrahierte Carotinoide werden mittels TLC aufgetrennt. In den Linien können Mono- und Diester von Ketocarotinoiden detektiert werden; die Monoester sind in deutlich geringerer Konzentration als die Diester vorhanden.

Beispiel 10

Enzymatische Hydrolyse von Carotinoideestern und Identifizierung der Carotinoide Allgemeine Arbeitsvorschrift

[0384] Gemörseretes Petalenmaterial (30–100 mg Frischgewicht) wird mit 100% Aceton (dreimal 500 µl; jeweils etwa 15 Minuten schütteln) extrahiert. Das Lösungsmittel wird evaporiert. Carotinoide werden anschließend in 495 µl Aceton aufgenommen, 4,95 ml Kalium-phosphatpuffer (100 mM, pH 7.4) zugegeben und gut gemischt. Danach erfolgt die Zugabe von ca. 17 mg Bile-Salze (Sigma) und 149 µl einer NaCl/CaCl₂-Lösung (3M NaCl und 75 mM CaCl₂). Die Suspension wird für 30 Minuten bei 37°C inkubiert. Für die enzymatische

Hydrolyse der Carotinoidester wird 595 µl einer Lipaselösung (50 mg/ml Lipase Typ7 von *Candida rugosa*(Sigma)) zugegeben und unter Schütteln bei 37C inkubiert. Nach etwa 21 Stunden erfolgte nochmals eine Zugabe von 595 µl Lipase mit erneuter Inkubation von mindestens 5 Stunden bei 37C. Anschließend werden etwa ca. 700 mg Na₂SO₄ × 10H₂O in der Lösung gelöst. Nach Zugabe von 1800 µl Petrolether werden die Carotinoide durch kräftig Mischen in die organische Phase extrahiert. Dieses Ausschütteln wird solange wiederholt, bis die organische Phase frablos bleibt. Die Petroletherfraktionen werden vereinigt und der Petrolether evaporiert. Freie Carotinoide werden in 100–120 µl Aceton aufgenommen. Mittels HPLC und C30-reverse phase-Säule können freie Carotinoide aufgrund von Retentionszeit und UV-VIS-Spektren identifiziert werden.

SEQUENCE LISTING

<110> SunGene GmbH & Co. KGaA

<120> Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden in genetisch veränderten Organismen

<130> 20020636

<160> 51

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 777

<212> DNA

<213> Nostoc sp. Strain PCC7120

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(777)

<223>

<400> 1	48
atg gtt cag tgt caa cca tca tct ctg cat tca gaa aaa ctg gtg tta	
Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu	
1 5 10 15	
ttg tca tcg aca atc aga gat gat aaa aat att aat aag ggt ata ttt	96
Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe	
20 25 30	
att gcc tgc ttt atc tta ttt tta tgg gca att agt tta atc tta tta	144
Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu	
35 40 45	
ctc tca ata gat aca tcc ata att cat aag agc tta tta ggt ata gcc	192
Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala	
50 55 60	
atg ctt tgg cag acc ttc tta tat aca ggt tta ttt att act gct cat	240
Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His	
65 70 75 80	
gat gcc atg cac ggc gta gtt tat ccc aaa aat ccc aga ata aat aat	288
Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn	

85	90	95	
ttt ata ggt aag ctc act cta atc ttg tat gga cta ctc cct tat aaa Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys 100 105 110			336
gat tta ttg aaa aaa cat tgg tta cac cac gga cat cct ggt act gat Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp 115 120 125			384
tta gac cct gat tat tac aat ggt cat ccc caa aac ttc ttt ctt tgg Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp 130 135 140			432
tat cta cat ttt atg aag tct tat tgg cga tgg acg caa att ttc gga Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly 145 150 155 160			480
tta gtg atg att ttt cat gga ctt aaa aat ctg gtg cat ata cca gaa Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu 165 170 175			528
aat aat tta att ata ttt tgg atg ata cct tct att tta agt tca gta Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val 180 185 190			576
caa cta ttt tat ttt ggt aca ttt ttg cct cat aaa aag cta gaa ggt Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly 195 200 205			624
ggt tat act aac ccc cat tgt gcg cgc agt atc cca tta cct ctt ttt Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe 210 215 220			672
tgg tct ttt gtt act tgt tat cac ttc ggc tac cac aag gaa cat cac Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His 225 230 235 240			720
gaa tac cct caa ctt cct tgg tgg aaa tta cct gaa gct cac aaa ata Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile 245 250 255			768
tct tta taa Ser Leu			777

<210> 2

<211> 258

<212> PRT

<213> Nostoc sp. Strain PCC7120

<400> 2

Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu
1 5 10 15Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe
20 25 30

Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu

35

40

45

Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala
 50 55 60

Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
 65 70 75 80

Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn
 85 90 95

Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys
 100 105 110

Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp
 115 120 125

Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp
 130 135 140

Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly
 145 150 155 160

Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu
 165 170 175

Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val
 180 185 190

Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Leu Glu Gly
 195 200 205

Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe
 210 215 220

Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His
 225 230 235 240

Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile
 245 250 255

Ser Leu

<210> 3

<211> 789

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<223>

gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat cat gag tat ccc cat 720
 Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

gta cct tgg tgg caa ctt cca tct gta tat aag cag aga gta ttc aac 768
 Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
 245 250 255

aat tca gta acc aat tcg taa 789
 Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

<210> 4

<211> 262

<212> PRT

<213> *Nostoc punctiforme*

<400> 4

Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln
 1 5 10 15

Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val
 20 25 30

Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn
 35 40 45

Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln
 50 55 60

Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
 85 90 95

Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
 100 105 110

Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp
 115 120 125

Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
 130 135 140

Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
 145 150 155 160

Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
 165 170 175

Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
 195 200 205

Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
 210 215 220

Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
 245 250 255

Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

<210> 5

<211> 762

<212> DNA

<213> *Nostoc punctiforme*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(762)

<223>

<400> 5		
gtg atc cag tta gaa caa cca ctc agt cat caa gca aaa ctg act cca		
Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro		
1 5 10 15		
gta ctg aga agt aaa tct cag ttt aag ggg ctt ttc att gct att gtc		
Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val		
20 25 30		
att gtt agc gca tgg gtc att agc ctg agt tta tta ctt tcc ctt gac		
Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Ser Leu Asp		
35 40 45		
atc tca aag cta aaa ttt tgg atg tta ttg cct gtt ata cta tgg caa		
Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln		
50 55 60		
aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca tct cat gat gcc atg cat		
Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His		
65 70 75 80		
ggc gta gta ttt ccc caa aac acc aag att aat cat ttg att gga aca		
Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr		
	48	
	96	
	144	
	192	
	240	
	288	

85	90	95	
ttg acc cta tcc ctt tat ggt ctt tta cca tat caa aaa cta ttg aaa Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys 100 105 110			336
aaa cat tgg tta cac cac cac aat cca gca agc tca ata gac ccg gat Lys His Trp Leu His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp 115 120 125			384
ttt cac aat ggt aaa cac caa agt ttc ttt gct tgg tat ttt cat ttt Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe 130 135 140			432
atg aaa ggt tac tgg agt tgg ggg caa ata att gcg ttg act att att Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile 145 150 155 160			480
tat aac ttt gct aaa tac ata ctc cat atc cca agt gat aat cta act Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr 165 170 175			528
tac ttt tgg gtg cta ccc tcg ctt tta agt tca tta caa tta ttc tat Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr 180 185 190			576
ttt ggt act ttt tta ccc cat agt gaa cca ata ggg ggt tat gtt cag Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln 195 200 205			624
cct cat tgt gcc caa aca att agc cgt cct att tgg tgg tca ttt atc Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile 210 215 220			672
acg tgc tat cat ttt ggc tac cac gag gaa cat cac gaa tat cct cat Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His 225 230 235 240			720
att tct tgg tgg cag tta cca gaa att tac aaa gca aaa tag Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys 245 250			762

<210> 6

<211> 253

<212> PRT

<213> Nostoc punctiforme

<400> 6

Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
1 5 10 15Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
20 25 30Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Ser Leu Asp
35 40 45

Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln

50

55

60

Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

Gly val val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
 85 90 95

Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
 100 105 110

Lys His Trp Leu His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp
 115 120 125

Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
 130 135 140

Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
 145 150 155 160

Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
 165 170 175

Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
 195 200 205

Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
 210 215 220

Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys
 245 250

<210> 7

<211> 789

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<223>

<400>	7		
atg aat ttt tgt gat aaa cca gtt agc tat tat gtt gca ata gag caa		48	
Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln			
1 5 10 15			
tta agt gct aaa gaa gat act gtt tgg ggg ctg gtg att gtc ata gta		96	
Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val			
20 25 30			
att att agt ctt tgg gta gct agt ttg gct ttt tta cta gct att aat		144	
Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn			
35 40 45			
tat gcc aaa att cat aag tgg ttg ata cct att gca ata gtt tgg caa		192	
Tyr Ala Lys Ile His Lys Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln			
50 55 60			
atg ttc ctt tat aca ggg cta ttt att act gca cat gat gct atg cat		240	
Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His			
65 70 75 80			
ggg tca gtt tat cgt aaa aat ccc aaa att aat aat ttt atc ggt tca		288	
Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser			
85 90 95			
cta gct gta gcg ctt tac gct gtg ttt cca tat caa cag atg tta aag		336	
Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys			
100 105 110			
aat cat tgc tta cat cat cgt cat cct gct agc gaa gtt gac cca gat		384	
Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp			
115 120 125			
ttt cat gat ggt aag aga aca aac gct att ttc tgg tat ctc cat ttc		432	
Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe			
130 135 140			
atg ata gaa tac tcc agt tgg caa cag tta ata gta cta act atc cta		480	
Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu			
145 150 155 160			
ttt aat tta gct aaa tac gtt ttg cac atc cat caa ata aat ctc atc		528	
Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile			
165 170 175			
tta ttt tgg agt att cct cca att tta agt tcc att caa ctg ttt tat		576	
Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr			
180 185 190			
ttc gga aca ttt ttg cct cat cga gaa ccc aag aaa gga tat gtt tat		624	
Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr			
195 200 205			
ccc cat tgc agc caa aca ata aaa ttg cca act ttt ttg tca ttt atc		672	
Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile			
210 215 220			
gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat cat gag tat ccc cat		720	
Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His			
225 230 235 240			
gta cct tgg tgg caa ctt cca tct gta tat aag cag aga gta ttc aac		768	
Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn			
245 250 255			

aat tca gta acc aat tcg taa
 Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

789

<210> 8

<211> 262

<212> PRT

<213> Künstliche Sequenz

<400> 8

Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln
 1 5 10 15

Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val
 20 25 30

Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn
 35 40 45

Tyr Ala Lys Ile His Lys Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln
 50 55 60

Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
 85 90 95

Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
 100 105 110

Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp
 115 120 125

Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
 130 135 140

Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
 145 150 155 160

Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
 165 170 175

Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
 195 200 205

Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
 210 215 220

Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
 245 250 255

Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

<210> 9

<211> 789

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<223>

<400> 9		
atg aat ttt tgt gat aaa cca gtt agc tat tat gtt gca ata gag caa		48
Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln		
1 5 10 15		
tta agt gct aaa gaa gat act gtt tgg ggg ctg gtg att gtc ata gta		96
Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val		
20 25 30		
att att agt ctt tgg gta gct agt ttg gct ttt tta cta gct att aat		144
Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn		
35 40 45		
tat gcc aaa gtc cca att tgg ttg ata cct att gca ata gtt tgg caa		192
Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln		
50 55 60		
atg ttc ctt tat aca ggg cta ttt att act gca cat gat gct atg cat		240
Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His		
65 70 75 80		
ggg tca gtt tat cgt aaa aat ccc aaa att aat aat ttt atc ggt tca		288
Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser		
85 90 95		
cta gct gta gcg ctt tac gct gtg ttt cca tat caa cag atg tta aag		336
Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys		
100 105 110		
aat cat tgc tta cat cat cgt cat cct gct agc gat tta gac cca gat		384
Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp		

115	120	125	
ttt cat gat ggt aag aga aca aac gct att ttc tgg tat ctc cat ttc Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe 130 135 140			432
atg ata gaa tac tcc agt tgg caa cag tta ata gta cta act atc cta Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu 145 150 155 160			480
ttt aat tta gct aaa tac gtt ttg cac atc cat caa ata aat ctc atc Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile 165 170 175			528
tta ttt tgg agt att cct cca att tta agt tcc att caa ctg ttt tat Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr 180 185 190			576
ttc gga aca ttt ttg cct cat cga gaa ccc aag aaa gga tat gtt tat Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr 195 200 205			624
ccc cat tgc agc caa aca ata aaa ttg cca act ttt ttg tca ttt atc Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile 210 215 220			672
gct tgc tac cac ttt ggt tat cat gaa gaa cat cat gag tat ccc cat Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His 225 230 235 240			720
gta cct tgg ttg caa ctt cca tct gta tat aag cag aga gta ttc aac Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn 245 250 255			768
aat tca gta acc aat tcg taa Asn Ser Val Thr Asn Ser 260			789

<210> 10

<211> 262

<212> PRT

<213> Künstliche Sequenz

<400> 10

Met Asn Phe Cys Asp Lys Pro Val Ser Tyr Tyr Val Ala Ile Glu Gln 1 5 10 15
--

Leu Ser Ala Lys Glu Asp Thr Val Trp Gly Leu Val Ile Val Ile Val 20 25 30

Ile Ile Ser Leu Trp Val Ala Ser Leu Ala Phe Leu Leu Ala Ile Asn 35 40 45

Tyr Ala Lys Val Pro Ile Trp Leu Ile Pro Ile Ala Ile Val Trp Gln 50 55 60

Met Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His

65

70

75

80

Gly Ser Val Tyr Arg Lys Asn Pro Lys Ile Asn Asn Phe Ile Gly Ser
 85 90 95

Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
 100 105 110

Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp
 115 120 125

Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
 130 135 140

Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
 145 150 155 160

Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
 165 170 175

Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
 195 200 205

Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
 210 215 220

Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
 245 250 255

Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

<210> 11

<211> 762

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(762)

<223>

DE 102 53 112 A1 2004.06.03

<210> 12

<211> 253

<212> PRT

<213> Künstliche Sequenz

<400> 12

Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
 1 5 10 15

Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
 20 25 30

Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Ser Leu Asp
 35 40 45

Ile Ser Lys Ile His Lys Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln
 50 55 60

Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
 85 90 95

Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
 100 105 110

Lys His Trp Leu His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp
 115 120 125

Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
 130 135 140

Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
 145 150 155 160

Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
 165 170 175

Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
 195 200 205

Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
 210 215 220

Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys
 245 250

<210> 13

<211> 762

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(762)

<223>

<400> 13		
atg atc cag tta gaa caa cca ctc agt cat caa gca aaa ctg act cca		48
Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro		
1 5 10 15		
gta ctg aga agt aaa tct cag ttt aag ggg ctt ttc att gct att gtc		96
Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val		
20 25 30		
att gtt agc gca tgg gtc att agc ctg agt tta tta ctt tcc ctt gac		144
Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp		
35 40 45		
atc tca aag cta aaa ttt tgg atg tta ttg cct gtt ata cta tgg caa		192
Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln		
50 55 60		
aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca tct cat gat gcc atg cat		240
Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His		
65 70 75 80		
ggc gta gta ttt ccc caa aac acc aag att aat cat ttg att gga aca		288
Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr		
85 90 95		
ttg acc cta tcc ctt tat ggt ctt tta cca tat caa aaa cta ttg aaa		336
Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys		
100 105 110		
aaa cat tgg tta cac cac aat cca gca agc gat tta gac ccg gat		384
Lys His Trp Leu His His Asn Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp		
115 120 125		
ttt cac aat ggt aaa cac caa agt ttc ttt gct ttg tat ttt cat ttt		432
Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe		
130 135 140		
atg aaa ggt tac tgg agt tgg ggg caa ata att gcg ttg act att att		480
Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile		

145	150	155	160	
tat aac ttt gct aaa tac ata ctc cat atc cca agt gat aat cta act				528
Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr				
165	170	175		
tac ttt tgg gtg cta ccc tcg ctt tta agt tca tta caa tta ttc tat				576
Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr				
180	185	190		
ttt ggt act ttt tta ccc cat agt gaa cca ata ggg ggt tat gtt cag				624
Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln				
195	200	205		
cct cat tgt gcc caa aca att agc cgt cct att tgg tgg tca ttt atc				672
Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile				
210	215	220		
acg tgc tat cat ttt ggc tac cac gag gaa cat cac gaa tat cct cat				720
Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His				
225	230	235	240	
att tct tgg tgg cag tta cca gaa att tac aaa gca aaa tag				762
Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys				
245	250			

<210> 14

<211> 253

<212> PRT

<213> Künstliche Sequenz

<400> 14

Met Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro			
1	5	10	15

Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val		
20	25	30

Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Ser Leu Asp		
35	40	45

Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln		
50	55	60

Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His			
65	70	75	80

Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr		
85	90	95

Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys		
100	105	110

Lys His Trp Leu His His Asn Pro Ala Ser Asp Leu Asp Pro Asp	
---	--

115

120

125

Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
 130 135 140

Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
 145 150 155 160

Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
 165 170 175

Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
 195 200 205

Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
 210 215 220

Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys
 245 250

<210> 15

<211> 1608

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (3) ... (971)

<223>

<400> 15		
ct aca ttt cac aag ccc gtc agc ggt gca agc gct ctg ccc cac atc		
Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile		
1 5 10 15		
ggc cca cct cct cat ctc cat cgg tca ttt gct gct acc acg atg ctg		
Gly Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu		
20 25 30		
tcg aag ctg cag tca atc agc gtc aag gcc cgc cgc gtt gaa cta gcc		
Ser Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala		
35 40 45		

cgc gac atc acg cgg ccc aaa gtc tgc ctg cat gct cag cgg tgc tcg	191
Arg Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser	
50 55 60	
tta gtt cggt cggt gtc gca gca cca cag aca gag gag ggc ctg gga	239
Leu Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly	
65 70 75	
acc gtc cag gct gcc ggc gcg ggc gat gag cac agc gcc gat gta gca	287
Thr Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala	
80 85 90 95	
ctc cag cag ctt gac cgg gct atc gca gag cgt cgt gcc cgg cgc aaa	335
Leu Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys	
100 105 110	
cgg gag cag ctg tca tac cag gct gcc gcc att gca gca tca att ggc	383
Arg Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ser Ile Gly	
115 120 125	
gtg tca ggc att gcc atc ttc gcc acc tac ctg aga ttt gcc atg cac	431
Val Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His	
130 135 140	
atg acc gtc ggc ggc gca gtc cca tgg ggt gaa gtc gct ggc act ctc	479
Met Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu	
145 150 155	
ctc ttg gtg gtt ggt ggc gcg ctc ggc atg gag atg tat gcc cgc tat	527
Leu Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr	
160 165 170 175	
gca cac aaa gcc atc tgg cat gag tcg cct ctg ggc tgg ctg ctg cac	575
Ala His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His	
180 185 190	
aag agc cac cac aca cct cgc act gga ccc ttt gaa gcc aac gac ttg	623
Lys Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu	
195 200 205	
ttt gca atc atc aat gga ctg ccc gcc atg ctc ctg tgt acc ttt ggc	671
Phe Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly	
210 215 220	
tgc tgg ctg ccc aac gtc ctg ggg ggc gcc tgc ttt gga gcg ggg ctg	719
Phe Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu	
225 230 235	
ggc atc acg cta tac ggc atg gca tat atg ttt gta cac gat ggc ctg	767
Gly Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu	
240 245 250 255	
gtg cac agg cgc ttt ccc acc ggg ccc atc gct ggc ctg ccc tac atg	815
Val His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met	
260 265 270	
aag cgc ctg aca gtg gcc cac cag cta cac cac agc ggc aag tac ggt	863
Lys Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly	
275 280 285	
ggc gcg ccc tgg ggt atg ttc ttg ggt cca cag gag ctg cag cac att	911
Gly Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile	
290 295 300	
cca ggt gcg gcg gag gag gtg gag cga ctg gtc ctg gaa ctg gac tgg	959
Pro Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp	
305 310 315	

tcc aag cgg tag ggtgcggaac caggcacgct ggttcacac ctcatgcctg	1011
Ser Lys Arg	
320	
tgataaggtg tggctagagc gatgcgtgtg agacgggtat gtcacggtcg actggctga	1071
tggccaatgg catcgccat gtctggtcat cacgggctgg ttgcctgggt gaaggtatg	1131
cacatcatca tgtgcggggc gagggttgg cacagtgtgg gctgaactgg agcagttgtc	1191
caggctggcg ttgaatcagt gagggtttgt gattggcggt tgtgaagcaa tgactccgcc	1251
catattctat ttgtgggagc tgagatgatg gcatgctgg gatgtgcattg gatcatggta	1311
gtgcagcaaa ctatattcac ctagggctgt tggttaggatc aggtgaggcc ttgcacattg	1371
catgatgtac tcgtcatggt gtgtgggtga gaggatggat gtggatggat gtgtattctc	1431
agacgttagac cttgactgga ggcttgatcg agagagtggg ccgtattctt tgagagggga	1491
ggctcgtgcc agaaatggtg agtggatgac tgtgacgctg tacattgcag gcaggtgaga	1551
tgcactgtct cgattgtaaa atacattcag atgcaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa	1608

<210> 16

<211> 322

<212> PRT

<213> **Haematococcus pluvialis**

<400> 16

Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile Gly	
1 5 10 15	

Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu Ser	
20 25 30	

Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala Arg	
35 40 45	

Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser Leu	
50 55 60	

Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly Thr	
65 70 75 80	

Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala Leu	
85 90 95	

Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys Arg	
100 105 110	

Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly Val	
115 120 125	

Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His Met
 130 135 140

Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu Leu
 145 150 155 160

Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr Ala
 165 170 175

His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His Lys
 180 185 190

Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu Phe
 195 200 205

Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly Phe
 210 215 220

Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu Gly
 225 230 235 240

Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu Val
 245 250 255

His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met Lys
 260 265 270

Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly Gly
 275 280 285

Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile Pro
 290 295 300

Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp Ser
 305 310 315 320

Lys Arg

<210> 17

<211> 1650

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> CDS

<222> (112)..(1614)

<223>

<400> 17
 ggcacgagga aacttttctc tcttcactag ctgtttacat gcttggaaattt tcaagatttt 60
 aggaccccat ttgaagtttt ctgaaacaa atattaccct gttggaaaaaa g atg gat
 Met Asp
 1
 act ttg ttg aaa acc cca aat aac ctt gaa ttt ctg aac cca cat cat 165
 Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro His His
 5 10 15
 ggt ttt gct gtt aaa gct agt acc ttt aga tct gag aag cat cat aat 213
 Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His His Asn
 20 25 30
 ttt ggt tct agg aag ttt tgg gaa act ttg ggt aga agt gtt tgg gtt 261
 Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val Cys Val
 35 40 45 50
 aag ggt agt agt agt gct ctt tta gag ctt gta cct gag acc aaa aag 309
 Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr Lys Lys
 55 60 65
 gag aat ctt gat ttt gag ctt cct atg tat gac cct tca aaa ggg gtt 357
 Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys Gly Val
 70 75 80
 gtt gtg gat ctt gct gtg gtt ggt ggt ggc cct gca gga ctt gct gtt 405
 Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Pro Ala Gly Leu Ala Val
 85 90 95
 gca cag caa gtt tct gaa gca gga ctc tct gtt tgg tca att gat ccg 453
 Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile Asp Pro
 100 105 110
 aat cct aaa ttg ata tgg cct aat aac tat ggt gtt tgg gtg gat gaa 501
 Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val Asp Glu
 115 120 125 130
 ttt gag gct atg gac ttg tta gat tgg cta gat gct acc tgg tct ggt 549
 Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp Ser Gly
 135 140 145
 gca gca gtg tac att gat gat aat acg gct aaa gat ctt cat aga cct 597
 Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His Arg Pro
 150 155 160
 tat gga agg gtt aac cgg aaa cag ctg aaa tcg aaa atg atg cag aaa 645
 Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met Gln Lys
 165 170 175
 tgt ata atg aat ggt gtt aaa ttc cac caa gcc aaa gtt ata aag gtg 693
 Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile Lys Val
 180 185 190 195
 att cat gag gaa tcg aaa tcc atg ttg ata tgc aat gat ggt att act 741
 Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly Ile Thr
 195 200 205 210
 att cag gca acg gtg gtg ctc gat gca act ggc ttc tct aga tct ctt 789
 Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg Ser Leu
 215 220 225

gtt cag tat gat aag cct tat aac ccc ggg tat caa gtt gct tat ggc Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala Tyr Gly 230 235 240	837
att ttg gct gaa gtg gaa gag cac ccc ttt gat gta aac aag atg gtt Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys Met Val 245 250 255	885
ttc atg gat tgg cga gat tct cat ttg aag aac aat act gat ctc aag Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp Leu Lys 260 265 270	933
gag aga aat agt aga ata cca act ttt ctt tat gca atg cca ttt tca Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro Phe Ser 275 280 285 290	981
tcc aac agg ata ttt ctt gaa gaa aca tca ctc gta gct cgt cct ggc Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg Pro Gly 295 300 305	1029
ttg cgt ata gat gat att caa gaa cga atg gtg gct cgt tta aac cat Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu Asn His 310 315 320	1077
ttg ggg ata aaa gtg aag agc att gaa gaa gat gaa cat tgt cta ata Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys Leu Ile 325 330 335	1125
cca atg ggt ggt cca ctt cca gta tta cct cag aga gtc gtt gga atc Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val Gly Ile 340 345 350	1173
ggt ggt aca gct ggc atg gtt cat cca tcc acc ggt tat atg gtg gca Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met Val Ala 355 360 365 370	1221
agg aca cta gct gcg gct cct gtt gtt gcc aat gcc ata att caa tac Arg Thr Leu Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile Gln Tyr 375 380 385	1269
ctc ggt tct gaa aga agt cat tcg ggt aat gaa tta tcc aca gct gtt Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr Ala Val 390 395 400	1317
tgg aaa gat ttg tgg cct ata gag agg aga cgt caa aga gag ttc ttc Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu Phe Phe 405 410 415	1365
tgc ttc ggt atg gat att ctt ctg aag ctt gat tta cct gct aca aga Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala Thr Arg 420 425 430	1413
agg ttc ttt gat gca ttc ttt gac tta gaa cct cgt tat tgg cat ggc Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp His Gly 435 440 445 450	1461
ttc tta tcg tct cga ttg ttt cta cct gaa ctc ata gtt ttt ggg ctg Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe Gly Leu 455 460 465	1509
tct cta ttc tct cat gct tca aat act tct aga ttt gag ata atg aca Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile Met Thr 470 475 480	1557
aag gga act gtt cca tta gta aat atg atc aac aat ttg tta cag gat Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu Gln Asp 485 490 495	1605

aaa gaa tga atccgagtaa ttcggaatct tgtccaatct cgtgcc
 Lys Glu 500

<210> 18
 <211> 500
 <212> PRT
 <213> Lycopersicon esculentum

<400> 18

Met Asp Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro
 1 5 10 15

His His Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His
 20 25 30

His Asn Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val
 35 40 45

Cys Val Lys Gly Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr
 50 55 60

Lys Lys Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys
 65 70 75 80

Gly Val Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu
 85 90 95

Ala Val Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile
 100 105 110

Asp Pro Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val
 115 120 125

Asp Glu Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp
 130 135 140

Ser Gly Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His
 145 150 155 160

Arg Pro Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met
 165 170 175

Gln Lys Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile
 180 185 190

Lys Val Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly
 195 200 205

Ile Thr Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg
 210 215 220

Ser Leu Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala
 225 230 235 240

Tyr Gly Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys
 245 250 255

Met Val Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp
 260 265 270

Leu Lys Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro
 275 280 285

Phe Ser Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg
 290 295 300

Pro Gly Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu
 305 310 315 320

Asn His Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys
 325 330 335

Leu Ile Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val
 340 345 350

Gly Ile Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met
 355 360 365

Val Ala Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile
 370 375 380

Gln Tyr Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr
 385 390 395 400

Ala Val Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu
 405 410 415

Phe Phe Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala
 420 425 430

Thr Arg Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp
 435 440 445

His Gly Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe
 450 455 460

Gly Leu Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile
 465 470 475 480

Met Thr Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu
485 490 495

Gln Asp Lys Glu
500

<210> 19
<211> 33
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<221> primer_bind
<222> (1)..(33)
<223>

<400> 19
gcatgctcta gacctataa agatattttg tga 33

<210> 20
<211> 33
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<221> primer_bind
<222> (1)..(33)
<223>

<400> 20
gcatgcatct agaaatggtt cagtgtcaac cat 33

<210> 21
<211> 805
<212> DNA
<213> Nostoc sp. Strain PCC7120

<220>

<221> variation

<222> (1)..(805)

<223>

<400> 21		
gcatgcatct agaaatggtt cagtgtcaac catcatctct gcattcagaa aaactggtgt	60	
tattgtcatc gacaatcaga gatgataaaa atattaataa gggtatattt attgcctgct	120	
ttatcttatt tttatggca attagtttaa tcttattact ctcataatagat acatccataa	180	
ttcataagag cttatttagt atagccatgc tttggcagac cttcttataat acaggtttat	240	
ttattactgc tcatgatgcc atgcacggcg tagtttatcc caaaaatccc agaataaaata	300	
attttatagg taagctcaact ctaatcttgt atggactact cccttataaa gatttattga	360	
aaaaacattg gttacaccac ggacatcctg gtactgattt agacccctgat tattacaatg	420	
gtcatccccca aaacttcctt ctttggtac tacattttat gaagtcttat tggcgatgga	480	
cgc当地 cggatttagtg atgatttttc atggacttaa aaatctggtg catataccag	540	
aaaataattt aattatattt tggatgatac cttctatattt aagttcagta caactatattt	600	
attttggtagt atttttgcct cataaaaaagc tagaaggtagg ttatactaac cccattgtg	660	
cgc当地 cccattacct cttttttggc cttttgttac ttgttatcac ttcggctacc	720	
acaaggaaca tcacgaatac cctcaacttc cttggtaggaa attacctgaa gctcacaaaa	780	
tatcttata aggtcttagag catgc	805	

<210> 22

<211> 24

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(24)

<223>

<400> 22		
aggtaaccgca cggctctgcca atcc	24	

<210> 23

<211> 26

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(26)

<223>

<400> 23

aagcttgacc tgattatcag cacgg

26

<210> 24

<211> 4624

<212> DNA

<213> Erwinia uredovora

<220>

<221> CDS

<222> (128)..(1267)

<223>

<220>

<221> CDS

<222> (1288)..(2766)

<223>

<220>

<221> CDS

<222> (2802)..(3689)

<223>

<220>

<221> iDNA

<222> (3631)..(4158)

<223>

<400> 24
 gtcgactttc agcagcgcat ggcgaaaatc cagacagccc ttcgttggc agggggcacc 60
 atggccgctg ccgatatcat tgagcagggt atgtgcaccg gtcagcctgt cttaagtggg 120
 agcggct atg caa ccg cat tat gat ctg att ctc gtg ggg gct gga ctc 169
 Met Gln Pro His Tyr Asp Leu Ile Leu Val Gly Ala Gly Leu
 1 5 10

gct aat ggc ctt atc gcc ctg cgt ctt cag cag cag caa cct gat atg 217
 Ala Asn Gly Leu Ile Ala Leu Arg Leu Gln Gln Gln Gln Pro Asp Met
 15 20 25 30

cgt att ttg ctt atc gac gcc gca ccc cag gcg ggc ggg aat cat acg 265
 Arg Ile Leu Leu Ile Asp Ala Ala Pro Gln Ala Gly Gly Asn His Thr
 35 40 45

tgg tca ttt cac cac gat gat ttg act gag agc caa cat cgt tgg ata 313
 Trp Ser Phe His His Asp Asp Leu Thr Glu Ser Gln His Arg Trp Ile
 50 55 60

gct ccg ctg gtg gtt cat cac tgg ccc gac tat cag gta cgc ttt ccc 361
 Ala Pro Leu Val Val His His Trp Pro Asp Tyr Gln Val Arg Phe Pro
 65 70 75

aca cgc cgt cgt aag ctg aac agc ggc tac ttt tgt att act tct cag 409
 Thr Arg Arg Arg Lys Leu Asn Ser Gly Tyr Phe Cys Ile Thr Ser Gln
 80 85 90

cgt ttc gct gag gtt tta cag cga cag ttt ggc ccc cac ttg tgg atg 457
 Arg Phe Ala Glu Val Leu Gln Arg Gln Phe Gly Pro His Leu Trp Met
 95 100 105 110

gat acc gcg gtc gca gag gtt aat gcg gaa tct gtt cgg ttg aaa aag 505
 Asp Thr Ala Val Ala Glu Val Asn Ala Glu Ser Val Arg Leu Lys Lys
 115 120 125

ggt cag gtt atc ggt gcc cgc gcg gtg att gac ggg cgg ggt tat gcg 553
 Gly Gln Val Ile Gly Ala Arg Ala Val Ile Asp Gly Arg Gly Tyr Ala
 130 135 140

gca aat tca gca ctg agc gtc ggc ttc cag gcg ttt att ggc cag gaa 601
 Ala Asn Ser Ala Leu Ser Val Gly Phe Gln Ala Phe Ile Gly Gln Glu
 145 150 155

tgg cga ttg agc cac ccg cat ggt tta tcg tct ccc att atc atg gat 649
 Trp Arg Leu Ser His Pro His Gly Leu Ser Ser Pro Ile Ile Met Asp
 160 165 170

gcc acg gtc gat cag caa aat ggt tat cgc ttc gtg tac agc ctg ccg 697
 Ala Thr Val Asp Gln Gln Asn Gly Tyr Arg Phe Val Tyr Ser Leu Pro
 175 180 185 190

ctc tcg ccg acc aga ttg tta att gaa gac acg cac tat att gat aat 745
 Leu Ser Pro Thr Arg Leu Leu Ile Glu Asp Thr His Tyr Ile Asp Asn
 195 200 205

gct aca tta gat cct gaa tgc gcg cgg caa aat att tgc gac tat gcc 793
 Ala Thr Leu Asp Pro Glu Cys Ala Arg Gln Asn Ile Cys Asp Tyr Ala
 210 215 220

gct caa cag ggt tgg cag ctt cag aca ctg ctg cga gaa gaa cag ggc 841
 Ala Gln Gln Gly Trp Gln Leu Gln Thr Leu Leu Arg Glu Glu Gln Gln
 225 230 235

gcc tta ccc att act ctg tcg ggc aat gcc gac gca ttc tgg cag cag 889
 Ala Leu Pro Ile Thr Leu Ser Gly Asn Ala Asp Ala Phe Trp Gln Gln

240	245	250	
cgc ccc ctg gcc tgt agt gga tta cgt gcc ggt ctg ttc cat cct acc Arg Pro Leu Ala Cys Ser Gly Leu Arg Ala Gly Leu Phe His Pro Thr 255 260 265 270			937
acc ggc tat tca ctg ccg ctg gcg gtt gcc gtc gac cgc ctg agt Thr Gly Tyr Ser Leu Pro Leu Ala Val Ala Val Ala Asp Arg Leu Ser 275 280 285			985
gca ctt gat gtc ttt acg tcg gcc tca att cac cat gcc att acg cat Ala Leu Asp Val Phe Thr Ser Ala Ser Ile His His Ala Ile Thr His 290 295 300			1033
ttt gcc cgc gag cgc tgg cag cag cag ggc ttt ttc cgc atg ctg aat Phe Ala Arg Glu Arg Trp Gln Gln Gln Gly Phe Phe Arg Met Leu Asn 305 310 315			1081
cgc atg ctg ttt tta gcc gga ccc gcc gat tca cgc tgg cgg gtt atg Arg Met Leu Phe Leu Ala Gly Pro Ala Asp Ser Arg Trp Arg Val Met 320 325 330			1129
cag cgt ttt tat ggt tta cct gaa gat tta att gcc cgt ttt tat gcg Gln Arg Phe Tyr Gly Leu Pro Glu Asp Leu Ile Ala Arg Phe Tyr Ala 335 340 345 350			1177
gga aaa ctc acg ctg acc gat cgg cta cgt att ctg agc ggc aag ccg Gly Lys Leu Thr Leu Thr Asp Arg Leu Arg Ile Leu Ser Gly Lys Pro 355 360 365			1225
cct gtt ccg gta tta gca gca ttg caa gcc att atg acg act Pro Val Pro Val Leu Ala Ala Leu Gln Ala Ile Met Thr Thr 370 375 380			1267
catcgtaaaa gagcgactac atg aaa cca act acg gta att ggt gca ggc ttc Met Lys Pro Thr Thr Val Ile Gly Ala Gly Phe 385 390			1320
ggt ggc ctg gca ctg gca att cgt cta caa gct gcg ggg atc ccc gtc Gly Gly Leu Ala Leu Ala Ile Arg Leu Gln Ala Ala Gly Ile Pro Val 395 400 405			1368
tta ctg ctt gaa caa cgt gat aaa ccc ggc ggt cgg gct tat gtc tac Leu Leu Leu Glu Gln Arg Asp Lys Pro Gly Gly Arg Ala Tyr Val Tyr 410 415 420			1416
gag gat cag ggg ttt acc ttt gat gca ggc ccg acg gtt atc acc gat Glu Asp Gln Gly Phe Thr Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile Thr Asp 425 430 435			1464
ccc agt gcc att gaa gaa ctg ttt gca ctg gca gga aaa cag tta aaa Pro Ser Ala Ile Glu Glu Leu Phe Ala Leu Ala Gly Lys Gln Leu Lys 440 445 450 455			1512
gag tat gtc gaa ctg ctg ccg gtt acg ccg ttt tac cgc ctg tgt tgg Glu Tyr Val Glu Leu Leu Pro Val Thr Pro Phe Tyr Arg Leu Cys Trp 460 465 470			1560
gag tca ggg aag gtc ttt aat tac gat aac gat caa acc cgg ctc gaa Glu Ser Gly Lys Val Phe Asn Tyr Asp Asn Asp Gln Thr Arg Leu Glu 475 480 485			1608
gcg cag att cag cag ttt aat ccc cgc gat gtc gaa ggt tat cgt cag Ala Gln Ile Gln Gln Phe Asn Pro Arg Asp Val Glu Gly Tyr Arg Gln 490 495 500			1656
ttt ctg gac tat tca cgc gcg gtc ttt aaa gaa ggc tat cta aag ctc Phe Leu Asp Tyr Ser Arg Ala Val Phe Lys Glu Gly Tyr Leu Lys Leu			1704

505	510	515	
ggt act gtc cct ttt tta tcg ttc aga gac atg ctt cgc gcc gca cct Gly Thr Val Pro Phe Leu Ser Phe Arg Asp Met Leu Arg Ala Ala Pro 520 525 530 535			1752
caa ctg gcg aaa ctg cag gca tgg aga agc gtt tac agt aag gtt gcc Gln Leu Ala Lys Leu Gln Ala Trp Arg Ser Val Tyr Ser Lys Val Ala 540 545 550			1800
agt tac atc gaa gat gaa cat ctg cgc cag gcg ttt tct ttc cac tcg Ser Tyr Ile Glu Asp Glu His Leu Arg Gln Ala Phe Ser Phe His Ser 555 560 565			1848
ctg ttg gtg ggc ggc aat ccc ttc gcc acc tca tcc att tat acg ttg Leu Leu Val Gly Gly Asn Pro Phe Ala Thr Ser Ser Ile Tyr Thr Leu 570 575 580			1896
ata cac gcg ctg gag cgt gag tgg ggc gtc tgg ttt ccg cgt ggc ggc Ile His Ala Leu Glu Arg Glu Trp Gly Val Trp Phe Pro Arg Gly Gly 585 590 595			1944
acc ggc gca tta gtt cag ggg atg ata aag ctg ttt cag gat ctg ggt Thr Gly Ala Leu Val Gln Gly Met Ile Lys Leu Phe Gln Asp Leu Gly 600 605 610 615			1992
ggc gaa gtc gtg tta aac gcc aga gtc agc cat atg gaa acg aca gga Gly Glu Val Val Leu Asn Ala Arg Val Ser His Met Glu Thr Thr Gly 620 625 630			2040
aac aag att gaa gcc gtg cat tta gag gac ggt cgc agg ttc ctg acg Asn Lys Ile Glu Ala Val His Leu Glu Asp Gly Arg Arg Phe Leu Thr 635 640 645			2088
caa gcc gtc gcg tca aat gca gat gtg gtt cat acc tat cgc gac ctg Gln Ala Val Ala Ser Asn Ala Asp Val Val His Thr Tyr Arg Asp Leu 650 655 660			2136
tta agc cag cac cct gcc gcg gtt aag cag tcc aac aaa ctg cag act Leu Ser Gln His Pro Ala Ala Val Lys Gln Ser Asn Lys Leu Gln Thr 665 670 675			2184
aag cgc atg agt aac tct ctg ttt gtg ctc tat ttt ggt ttg aat cac Lys Arg Met Ser Asn Ser Leu Phe Val Leu Tyr Phe Gly Leu Asn His 680 685 690 695			2232
cat cat gat cag ctc gcg cat cac acg gtt tgt ttc ggc ccg cgt tac His His Asp Gln Leu Ala His His Thr Val Cys Phe Gly Pro Arg Tyr 700 705 710			2280
cgc gag ctg att gac gaa att ttt aat cat gat ggc ctc gca gag gac Arg Glu Leu Ile Asp Glu Ile Phe Asn His Asp Gly Leu Ala Glu Asp 715 720 725			2328
ttc tca ctt tat ctg cac gcc ccc tgt gtc acg gat tcg tca ctg gcg Phe Ser Leu Tyr Leu His Ala Pro Cys Val Thr Asp Ser Ser Leu Ala 730 735 740			2376
cct gaa ggt tgc ggc agt tac tat gtg ttg gcg ccg gtg ccg cat tta Pro Glu Gly Cys Gly Ser Tyr Tyr Val Leu Ala Pro Val Pro His Leu 745 750 755			2424
ggc acc gcg aac ctc gac tgg acg gtt gag ggg cca aaa cta cgc gac Gly Thr Ala Asn Leu Asp Trp Thr Val Glu Gly Pro Lys Leu Arg Asp 760 765 770 775			2472
cgt att ttt gcg tac ctt gag cag cat tac atg cct ggc tta cg agt Arg Ile Phe Ala Tyr Leu Glu Gln His Tyr Met Pro Gly Leu Arg Ser			2520

780	785	790	
cag ctg gtc acg cac cgg atg ttt acg ccg ttt gat ttt cgc gac cag Gln Leu Val Thr His Arg Met Phe Thr Pro Phe Asp Phe Arg Asp Gln 795 800 805			2568
ctt aat gcc tat cat ggc tca gcc ttt tct gtg gag ccc gtt ctt acc Leu Asn Ala Tyr His Gly Ser Ala Phe Ser Val Glu Pro Val Leu Thr 810 815 820			2616
cag agc gcc tgg ttt cgg ccg cat aac cgc gat aaa acc att act aat Gln Ser Ala Trp Phe Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile Thr Asn 825 830			2664
ctc tac ctg gtc ggc gca ggc acg cat ccc ggc gca ggc att cct ggc Leu Tyr Leu Val Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile Pro Gly 840 845 850 855			2712
gtc atc ggc tcg gca aaa gcg aca gca ggt ttg atg ctg gag gat ctg Val Ile Gly Ser Ala Lys Ala Thr Ala Gly Leu Met Leu Glu Asp Leu 860 865 870			2760
att tga ataatccgtc gttactcaat catgcggtcg aaacg atg gca gtt ggc Ile Met Ala Val Gly 875			2813
tcg aaa agt ttt gcg aca gcc tca aag tta ttt gat gca aaa acc cgg Ser Lys Ser Phe Ala Thr Ala Ser Lys Leu Phe Asp Ala Lys Thr Arg 880 885 890			2861
cgc agc gta ctg atg ctc tac gcc tgg tgc cgc cat tgt gac gat gtt Arg Ser Val Leu Met Leu Tyr Ala Trp Cys Arg His Cys Asp Asp Val 895 900 905			2909
att gac gat cag acg ctg ggc ttt cag gcc cgg cag cct gcc tta caa Ile Asp Asp Gln Thr Leu Gly Phe Gln Ala Arg Gln Pro Ala Leu Gln 910 915 920			2957
acg ccc gaa caa cgt ctg atg caa ctt gag atg aaa acg cgc cag gcc Thr Pro Glu Gln Arg Leu Met Gln Leu Glu Met Lys Thr Arg Gln Ala 925 930 935 940			3005
tat gca gga tcg cag atg cac gaa ccg gcg ttt gct gct ttt cag gaa Tyr Ala Gly Ser Gln Met His Glu Pro Ala Phe Ala Ala Phe Gln Glu 945 950 955			3053
gtg gct atg gct cat gat atc gcc ccg gct tac gcg ttt gat cat ctg Val Ala Met Ala His Asp Ile Ala Pro Ala Tyr Ala Phe Asp His Leu 960 965 970			3101
gaa ggc ttc gcc atg gat gta cgc gaa gcg caa tac agc caa ctg gat Glu Gly Phe Ala Met Asp Val Arg Glu Ala Gln Tyr Ser Gln Leu Asp 975 980 985			3149
gat acg ctg cgc tat tgc tat cac gtt gca ggc gtt gtc ggc ttg atg Asp Thr Leu Arg Tyr Cys Tyr His Val Ala Gly Val Val Gly Leu Met 990 995 1000			3197
atg gcg caa atc atg ggc gtg cgg gat aac gcc acg ctg gac cgc Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr Leu Asp Arg 1005 1010 1015			3242
gcc tgt gac ctt ggg ctg gca ttt cag ttg acc aat att gct cgc Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile Ala Arg 1020 1025 1030			3287
gat att gtg gac gat gcg cat gcg ggc cgc tgt tat ctg ccg gca Asp Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro Ala			3332

1035	1040	1045					
agc 1050	tgg ctg gag cat gaa 1055	ggt ctg aac aaa gag 1060	aat tat gcg gca 3377 Ser Trp Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala				
cct 1065	gaa aac cgt cag gcg 1070	ctg agc cgt atc gcc 1075	cgt cgt ttg gtg 3422 Pro Glu Asn Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val				
cag 1080	gaa gca gaa cct tac 1085	tat ttg tct gcc aca 1090	gcc ggc ctg gca 3467 Gln Glu Ala Glu Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala				
ggg 1095	ttg ccc ctg cgt tcc 1100	gcc tgg gca atc gct 1105	acg gcg aag cag 3512 Gly Leu Pro Leu Arg Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln				
gtt 1110	tac cgg aaa ata ggt 1115	gtc aaa gtt gaa cag 1120	gcc ggt cag caa 3557 Val Tyr Arg Lys Ile Gly Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln				
gcc 1125	tgg gat cag cgg cag 1130	tca acg acc acg ccc 1135	gaa aaa tta acg 3602 Ala Trp Asp Gln Arg Gln Ser Thr Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr				
ctg 1140	ctg ctg gcc gcc tct 1145	ggt cag gcc ctt act 1150	tcc cgg atg cgg 3647 Leu Leu Leu Ala Ala Ser Gly Gln Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg				
gct 1155	cat cct ccc cgc cct 1160	gcg cat ctc tgg cag 1165	cgc ccg ctc 3689 Ala His Pro Pro Arg Pro Ala His Leu Trp Gln Arg Pro Leu				
tagcgccatg	tctttcccg	agcggtcgcc	gaagtttga	caggggcg	gcata	gaggag	3749
agccaaaaga	aacacaac	cttgc	ttgcgt	atgcata	tgccat	atgcgt	3809
acaaccgtt	gaggtagccc	ttgcgtggaa	tatagcggaa	tggccaacgt	tgtgcacca	ggccgtcg	3869
gcccgtcg	caccataaaa	tagagtaatc	catacgccgt	catacctgcg	ccaatccact	ggagcggcca	3929
ggagcggcca	cattcctgta	ctgcccagat	aaatcagcag	gatcgataat	gcagcaaaaa	ccacggcata	3989
ccacggcata	aagatcgta	acttcaaacg	caccttacg	cggttcatga	tgtgaaagat	ccatccccca	4049
ccatccccca	accccagccg	tgcatgatgt	atttgtgtgc	cagtgcagca	atcacttcca	tgccaaatcac	4109
tgccaaatcac	gttaacgaaa	acgatcaggg	cattccaaat	ccacaacata	atttctccgg	tagagacgtc	4169
tagagacgtc	tggcagcagg	cttaaggatt	caattttaac	agagattagc	cgatctggcg	gtggcagg	4229
gtggcagg	aaaaaggcgc	gccagaaagg	cgcgcagg	atcagaagtc	ggcttcaga	aaaaaggcgc	4289
accacacggt	agttggctt	acctgcacga	acatggtcca	gtgcatacg	gattttcgac	acccacggt	4349
atcgggaagt	actccactgt	cggcgcaata	tctgtacggc	cagccagctt	cagcagtgaa	cgcagctgcg	4409
cgcagctgcg	caggtgaacc	ggttgaagaa	cccgtaacgg	cgcggtcg	taaaatcagg	ctgaaagccg	4469
ctgaaagccg	ggcacgtcaa	acggcttcag	tacggcaccc	acggtatgga	acttaccgcg	aggcgcagg	4529
aggcgcagg	gcccacaagt	agggttgc	gtcgagatcg	acggcgaccg	tgctgataat	gcccacaac	4589
caggtcaaac	tggcccgcca	ggcttttaa	agctt				4624

<211> 380

<212> PRT

<213> *Erwinia uredovora*

<400> 25

Met Gln Pro His Tyr Asp Leu Ile Leu Val Gly Ala Gly Leu Ala Asn
 1 5 10 15

Gly Leu Ile Ala Leu Arg Leu Gln Gln Gln Pro Asp Met Arg Ile
 20 25 30

Leu Leu Ile Asp Ala Ala Pro Gln Ala Gly Gly Asn His Thr Trp Ser
 35 40 45

Phe His His Asp Asp Leu Thr Glu Ser Gln His Arg Trp Ile Ala Pro
 50 55 60

Leu Val Val His His Trp Pro Asp Tyr Gln Val Arg Phe Pro Thr Arg
 65 70 75 80

Arg Arg Lys Leu Asn Ser Gly Tyr Phe Cys Ile Thr Ser Gln Arg Phe
 85 90 95

Ala Glu Val Leu Gln Arg Gln Phe Gly Pro His Leu Trp Met Asp Thr
 100 105 110

Ala Val Ala Glu Val Asn Ala Glu Ser Val Arg Leu Lys Lys Gly Gln
 115 120 125

Val Ile Gly Ala Arg Ala Val Ile Asp Gly Arg Gly Tyr Ala Ala Asn
 130 135 140

Ser Ala Leu Ser Val Gly Phe Gln Ala Phe Ile Gly Gln Glu Trp Arg
 145 150 155 160

Leu Ser His Pro His Gly Leu Ser Ser Pro Ile Ile Met Asp Ala Thr
 165 170 175

Val Asp Gln Gln Asn Gly Tyr Arg Phe Val Tyr Ser Leu Pro Leu Ser
 180 185 190

Pro Thr Arg Leu Leu Ile Glu Asp Thr His Tyr Ile Asp Asn Ala Thr
 195 200 205

Leu Asp Pro Glu Cys Ala Arg Gln Asn Ile Cys Asp Tyr Ala Ala Gln
 210 215 220

Gln Gly Trp Gln Leu Gln Thr Leu Leu Arg Glu Glu Gln Gly Ala Leu

225

230

235

240

Pro Ile Thr Leu Ser Gly Asn Ala Asp Ala Phe Trp Gln Gln Arg Pro
 245 250 255

Leu Ala Cys Ser Gly Leu Arg Ala Gly Leu Phe His Pro Thr Thr Gly
 260 265 270

Tyr Ser Leu Pro Leu Ala Val Ala Val Ala Asp Arg Leu Ser Ala Leu
 275 280 285

Asp Val Phe Thr Ser Ala Ser Ile His His Ala Ile Thr His Phe Ala
 290 295 300

Arg Glu Arg Trp Gln Gln Gly Phe Phe Arg Met Leu Asn Arg Met
 305 310 315 320

Leu Phe Leu Ala Gly Pro Ala Asp Ser Arg Trp Arg Val Met Gln Arg
 325 330 335

Phe Tyr Gly Leu Pro Glu Asp Leu Ile Ala Arg Phe Tyr Ala Gly Lys
 340 345 350

Leu Thr Leu Thr Asp Arg Leu Arg Ile Leu Ser Gly Lys Pro Pro Val
 355 360 365

Pro Val Leu Ala Ala Leu Gln Ala Ile Met Thr Thr
 370 375 380

<210> 26

<211> 492

<212> PRT

<213> *Erwinia uredovora*

<400> 26

Met Lys Pro Thr Thr Val Ile Gly Ala Gly Phe Gly Gly Leu Ala Leu
 1 5 10 15

Ala Ile Arg Leu Gln Ala Ala Gly Ile Pro Val Leu Leu Leu Glu Gln
 20 25 30

Arg Asp Lys Pro Gly Gly Arg Ala Tyr Val Tyr Glu Asp Gln Gly Phe
 35 40 45

Thr Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile Thr Asp Pro Ser Ala Ile Glu
 50 55 60

Glu Leu Phe Ala Leu Ala Gly Lys Gln Leu Lys Glu Tyr Val Glu Leu

65

70

75

80

Leu Pro Val Thr Pro Phe Tyr Arg Leu Cys Trp Glu Ser Gly Lys Val
 85 90 95

Phe Asn Tyr Asp Asn Asp Gln Thr Arg Leu Glu Ala Gln Ile Gln Gln
 100 105 110

Phe Asn Pro Arg Asp Val Glu Gly Tyr Arg Gln Phe Leu Asp Tyr Ser
 115 120 125

Arg Ala Val Phe Lys Glu Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Thr Val Pro Phe
 130 135 140

Leu Ser Phe Arg Asp Met Leu Arg Ala Ala Pro Gln Leu Ala Lys Leu
 145 150 155 160

Gln Ala Trp Arg Ser Val Tyr Ser Lys Val Ala Ser Tyr Ile Glu Asp
 165 170 175

Glu His Leu Arg Gln Ala Phe Ser Phe His Ser Leu Leu Val Gly Gly
 180 185 190

Asn Pro Phe Ala Thr Ser Ser Ile Tyr Thr Leu Ile His Ala Leu Glu
 195 200 205

Arg Glu Trp Gly Val Trp Phe Pro Arg Gly Gly Thr Gly Ala Leu Val
 210 215 220

Gln Gly Met Ile Lys Leu Phe Gln Asp Leu Gly Gly Glu Val Val Leu
 225 230 235 240

Asn Ala Arg Val Ser His Met Glu Thr Thr Gly Asn Lys Ile Glu Ala
 245 250 255

Val His Leu Glu Asp Gly Arg Arg Phe Leu Thr Gln Ala Val Ala Ser
 260 265 270

Asn Ala Asp Val Val His Thr Tyr Arg Asp Leu Leu Ser Gln His Pro
 275 280 285

Ala Ala Val Lys Gln Ser Asn Lys Leu Gln Thr Lys Arg Met Ser Asn
 290 295 300

Ser Leu Phe Val Leu Tyr Phe Gly Leu Asn His His His Asp Gln Leu
 305 310 315 320

Ala His His Thr Val Cys Phe Gly Pro Arg Tyr Arg Glu Leu Ile Asp
 325 330 335

Glu Ile Phe Asn His Asp Gly Leu Ala Glu Asp Phe Ser Leu Tyr Leu

340

345

350

His Ala Pro Cys Val Thr Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly Cys Gly
 355 360 365

Ser Tyr Tyr Val Leu Ala Pro Val Pro His Leu Gly Thr Ala Asn Leu
 370 375 380

Asp Trp Thr Val Glu Gly Pro Lys Leu Arg Asp Arg Ile Phe Ala Tyr
 385 390 395 400

Leu Glu Gln His Tyr Met Pro Gly Leu Arg Ser Gln Leu Val Thr His
 405 410 415

Arg Met Phe Thr Pro Phe Asp Phe Arg Asp Gln Leu Asn Ala Tyr His
 420 425 430

Gly Ser Ala Phe Ser Val Glu Pro Val Leu Thr Gln Ser Ala Trp Phe
 435 440 445

Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile Thr Asn Leu Tyr Leu Val Gly
 450 455 460

Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile Pro Gly Val Ile Gly Ser Ala
 465 470 475 480

Lys Ala Thr Ala Gly Leu Met Leu Glu Asp Leu Ile
 485 490

<210> 27

<211> 296

<212> PRT

<213> *Erwinia uredovora*

<400> 27

Met Ala Val Gly Ser Lys Ser Phe Ala Thr Ala Ser Lys Leu Phe Asp
 1 5 10 15

Ala Lys Thr Arg Arg Ser Val Leu Met Leu Tyr Ala Trp Cys Arg His
 20 25 30

Cys Asp Asp Val Ile Asp Asp Gln Thr Leu Gly Phe Gln Ala Arg Gln
 35 40 45

Pro Ala Leu Gln Thr Pro Glu Gln Arg Leu Met Gln Leu Glu Met Lys
 50 55 60

Thr Arg Gln Ala Tyr Ala Gly Ser Gln Met His Glu Pro Ala Phe Ala

65

70

75

80

Ala Phe Gln Glu Val Ala Met Ala His Asp Ile Ala Pro Ala Tyr Ala
 85 90 95

Phe Asp His Leu Glu Gly Phe Ala Met Asp Val Arg Glu Ala Gln Tyr
 100 105 110

Ser Gln Leu Asp Asp Thr Leu Arg Tyr Cys Tyr His Val Ala Gly Val
 115 120 125

Val Gly Leu Met Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr
 130 135 140

Leu Asp Arg Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile
 145 150 155 160

Ala Arg Asp Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro
 165 170 175

Ala Ser Trp Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala
 180 185 190

Pro Glu Asn Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val Gln
 195 200 205

Glu Ala Glu Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala Gly Leu
 210 215 220

Pro Leu Arg Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln Val Tyr Arg
 225 230 235 240

Lys Ile Gly Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln Ala Trp Asp Gln
 245 250 255

Arg Gln Ser Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr Leu Leu Leu Ala Ala
 260 265 270

Ser Gly Gln Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg Ala His Pro Pro Arg Pro
 275 280 285

Ala His Leu Trp Gln Arg Pro Leu
 290 295

<210> 28

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(32)

<223>

<400> 28

ttttctcga gcgataaaacg ctcacttggt ta

32

<210> 29

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(32)

<223>

<400> 29

ttttgtcga cacgttatgc tcacaacccc gg

32

<210> 30

<211> 679

<212> DNA

<213> Escherichia coli

<220>

<221> CDS

<222> (87)..(635)

<223>

<400> 30

ctcgagcgat aaacgctcac ttggtaatc atttcactct tcaattatct ataatgatga

60

gtgatcagaa ttacatgtga gaaatt atg caa acg gaa cac gtc att tta ttg

Met Gln Thr Glu His Val Ile Leu Leu
1 5

113

aat gca cag gga gtt ccc acg ggt acg ctg gaa aag tat gcc gca cac
Asn Ala Gln Gly Val Pro Thr Gly Thr Leu Glu Lys Tyr Ala Ala His

161

10	15	20	25	
acg gca gac acc cgc tta cat ctc gcg ttc tcc agt tgg ctg ttt aat				209
Thr Ala Asp Thr Arg Leu His Leu Ala Phe Ser Ser Trp Leu Phe Asn				
30	35	40		
gcc aaa gga caa tta tta gtt acc cgc cgc gca ctg agc aaa aaa gca				257
Ala Lys Gly Gln Leu Leu Val Thr Arg Arg Ala Leu Ser Lys Lys Ala				
45	50	55		
tgg cct ggc gtg tgg act aac tcg gtt tgt ggg cac cca caa ctg gga				305
Trp Pro Gly Val Trp Thr Asn Ser Val Cys Gly His Pro Gln Leu Gly				
60	65	70		
gaa agc aac gaa gac gca gtg atc cgc cgt tgc cgt tat gag ctt ggc				353
Glu Ser Asn Glu Asp Ala Val Ile Arg Arg Cys Arg Tyr Glu Leu Gly				
75	80	85		
gtg gaa att acg cct cct gaa tct atc tat cct gac ttt cgc tac cgc				401
Val Glu Ile Thr Pro Pro Glu Ser Ile Tyr Pro Asp Phe Arg Tyr Arg				
90	95	100		
95	100	105		
gcc acc gat ccg agt ggc att gtg gaa aat gaa gtg tgt ccg gta ttt				449
Ala Thr Asp Pro Ser Gly Ile Val Glu Asn Glu Val Cys Pro Val Phe				
110	115	120		
115	120	125		
gcc gca cgc acc act agt gcg tta cag atc aat gat gat gaa gtg atg				497
Ala Ala Arg Thr Thr Ser Ala Leu Gln Ile Asn Asp Asp Glu Val Met				
125	130	135		
130	135	140		
gat tat caa tgg tgt gat tta gca gat gta tta cac ggt att gat gcc				545
Asp Tyr Gln Trp Cys Asp Leu Ala Asp Val Leu His Gly Ile Asp Ala				
140	145	150		
145	150	155		
155	160	165		
160	165	170		
170	175	180		
175	180	185		
185	190	195		
195	200	205		
205	210	215		
215	220	225		
225	230	235		
235	240	245		
245	250	255		
255	260	265		
265	270	275		
275	280	285		
285	290	295		
295	300	305		
305	310	315		
315	320	325		
325	330	335		
335	340	345		
345	350	355		
355	360	365		
365	370	375		
375	380	385		
385	390	395		
395	400	405		
405	410	415		
415	420	425		
425	430	435		
435	440	445		
445	450	455		
455	460	465		
465	470	475		
475	480	485		
485	490	495		
495	500	505		
505	510	515		
515	520	525		
525	530	535		
535	540	545		
545	550	555		
555	560	565		
565	570	575		
575	580	585		
585	590	595		
595	600	605		
605	610	615		
615	620	625		
625	630	635		
635	640	645		
645	650	655		
655	660	665		
665	670	675		
675	680	685		
685	690	695		
695	700	705		
705	710	715		
715	720	725		
725	730	735		
735	740	745		
745	750	755		
755	760	765		
765	770	775		
775	780	785		
785	790	795		
795	800	805		
805	810	815		
815	820	825		
825	830	835		
835	840	845		
845	850	855		
855	860	865		
865	870	875		
875	880	885		
885	890	895		
895	900	905		
905	910	915		
915	920	925		
925	930	935		
935	940	945		
945	950	955		
955	960	965		
965	970	975		
975	980	985		
985	990	995		
995	1000	1005		
1005	1010	1015		
1015	1020	1025		
1025	1030	1035		
1035	1040	1045		
1045	1050	1055		
1055	1060	1065		
1065	1070	1075		
1075	1080	1085		
1085	1090	1095		
1095	1100	1105		
1105	1110	1115		
1115	1120	1125		
1125	1130	1135		
1135	1140	1145		
1145	1150	1155		
1155	1160	1165		
1165	1170	1175		
1175	1180	1185		
1185	1190	1195		
1195	1200	1205		
1205	1210	1215		
1215	1220	1225		
1225	1230	1235		
1235	1240	1245		
1245	1250	1255		
1255	1260	1265		
1265	1270	1275		
1275	1280	1285		
1285	1290	1295		
1295	1300	1305		
1305	1310	1315		
1315	1320	1325		
1325	1330	1335		
1335	1340	1345		
1345	1350	1355		
1355	1360	1365		
1365	1370	1375		
1375	1380	1385		
1385	1390	1395		
1395	1400	1405		
1405	1410	1415		
1415	1420	1425		
1425	1430	1435		
1435	1440	1445		
1445	1450	1455		
1455	1460	1465		
1465	1470	1475		
1475	1480	1485		
1485	1490	1495		
1495	1500	1505		
1505	1510	1515		
1515	1520	1525		
1525	1530	1535		
1535	1540	1545		
1545	1550	1555		
1555	1560	1565		
1565	1570	1575		
1575	1580	1585		
1585	1590	1595		
1595	1600	1605		
1605	1610	1615		
1615	1620	1625		
1625	1630	1635		
1635	1640	1645		
1645	1650	1655		
1655	1660	1665		
1665	1670	1675		
1675	1680	1685		
1685	1690	1695		
1695	1700	1705		
1705	1710	1715		
1715	1720	1725		
1725	1730	1735		
1735	1740	1745		
1745	1750	1755		
1755	1760	1765		
1765	1770	1775		
1775	1780	1785		
1785	1790	1795		
1795	1800	1805		
1805	1810	1815		
1815	1820	1825		
1825	1830	1835		
1835	1840	1845		
1845	1850	1855		
1855	1860	1865		
1865	1870	1875		
1875	1880	1885		
1885	1890	1895		
1895	1900	1905		
1905	1910	1915		
1915	1920	1925		
1925	1930	1935		
1935	1940	1945		
1945	1950	1955		
1955	1960	1965		
1965	1970	1975		
1975	1980	1985		
1985	1990	1995		
1995	2000	2005		
2005	2010	2015		
2015	2020	2025		
2025	2030	2035		
2035	2040	2045		
2045	2050	2055		
2055	2060	2065		
2065	2070	2075		
2075	2080	2085		
2085	2090	2095		
2095	2100	2105		
2105	2110	2115		
2115	2120	2125		
2125	2130	2135		
2135	2140	2145		
2145	2150	2155		
2155	2160	2165		
2165	2170	2175		
2175	2180	2185		
2185	2190	2195		
2195	2200	2205		
2205	2210	2215		
2215	2220	2225		
2225	2230	2235		
2235	2240	2245		
2245	2250	2255		
2255	2260	2265		
2265	2270	2275		
2275	2280	2285		
2285	2290	2295		
2295	2300	2305		
2305	2310	2315		
2315	2320	2325		
2325	2330	2335		
2335	2340	2345		
2345	2350	2355		
2355	2360	2365		
2365	2370	2375		
2375	2380	2385		
2385	2390	2395		
2395	2400	2405		
2405	2410	2415		
2415	2420	2425		
2425	2430	2435		
2435	2440	2445		
2445	2450	2455		
2455	2460	2465		
2465	2470	2475		
2475	2480	2485		
2485	2490	2495		
2495	2500	2505		
2505	2510	2515		
2515	2520	2525		
2525	2530	2535		
2535	2540	2545		
2545	2550	2555		
2555	2560	2565		
2565	2570	2575		
2575	2580	2585		
2585	2590	2595		
2595	2600	2605		
2605	2610	2615		
2615	2620	2625		
2625	2630	2635		
2635	2640	2645		
2645	2650	2655		
2655	2660	2665		
2665	2670	2675		
2675	2680	2685		
2685	2690	2695		
2695	2700	2705</		

Thr Arg Arg Ala Leu Ser Lys Lys Ala Trp Pro Gly Val Trp Thr Asn
 50 55 60

Ser Val Cys Gly His Pro Gln Leu Gly Glu Ser Asn Glu Asp Ala Val
 65 70 75 80

Ile Arg Arg Cys Arg Tyr Glu Leu Gly Val Glu Ile Thr Pro Pro Glu
 85 90 95

Ser Ile Tyr Pro Asp Phe Arg Tyr Arg Ala Thr Asp Pro Ser Gly Ile
 100 105 110

Val Glu Asn Glu Val Cys Pro Val Phe Ala Ala Arg Thr Thr Ser Ala
 115 120 125

Leu Gln Ile Asn Asp Asp Glu Val Met Asp Tyr Gln Trp Cys Asp Leu
 130 135 140

Ala Asp Val Leu His Gly Ile Asp Ala Thr Pro Trp Ala Phe Ser Pro
 145 150 155 160

Trp Met Val Met Gln Ala Thr Asn Arg Glu Ala Arg Lys Arg Leu Ser
 165 170 175

Ala Phe Thr Gln Leu Lys
 180

<210> 32

<211> 31

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(31)

<223>

<400> 32
 tttttccatg gtgaaggagg aaatagcgaa a 31

<210> 33

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(32)

<223>

<400> 33
tttttaagct ttcactttt tcttgttaacc aa

32

<210> 34

<211> 962

<212> DNA

<213> Archaeoglobus fulgidus

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(956)

<223>

<400> 34		
cc atg gtg aag gag gaa ata gcg aaa agg gcc gaa ata atc aac aaa		
Met Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg Ala Glu Ile Ile Asn Lys		
1 5 10 15		
gcc att gaa gag ctt ctg ccc gaa agg gag ccg att gga ctc tac aaa		
Ala Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu Pro Ile Gly Leu Tyr Lys		
20 25 30		
gcc gca agg cat ctg atc aaa gca ggt ggc aag agg cta agg cct gta		
Ala Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Gly Lys Arg Leu Arg Pro Val		
35 40 45		
ata agc ctc tta gca gtc gaa gcc ctt ggg aaa gac tac aga aag att		
Ile Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly Lys Asp Tyr Arg Lys Ile		
50 55 60		
atc ccg gct gct gtc agc att gaa aca atc cac aac ttc acc ctc gtg		
Ile Pro Ala Ala Val Ser Ile Glu Thr Ile His Asn Phe Thr Leu Val		
65 70 75		
cat gac gac ata atg gac agg gac gag atg agg agg gga gtt ccg acg		
His Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met Arg Arg Gly Val Pro Thr		
80 85 90 95		
gta cac agg gtt tat ggg gaa gcg acg gcc att tta gca ggc gac aca		
Val His Arg Val Tyr Gly Glu Ala Thr Ala Ile Leu Ala Gly Asp Thr		
100 105 110		
ctc ttt gct gaa gcc ttc aag ctg ctg aca aag tgc gat gtt gag agc		
Leu Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr Lys Cys Asp Val Glu Ser		
	47	
	95	
	143	
	191	
	239	
	287	
	335	
	383	

115	120	125	
gag gga atc aga aaa gct aca gaa atg ctt tcg gac gtt tgc ata aaa Glu Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu Ser Asp Val Cys Ile Lys 130 135 140			431
ata tgc gag ggg cag tac tac gac atg agc ttt gag aaa aag gag agc Ile Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser Phe Glu Lys Lys Glu Ser 145 150 155			479
gtt tcc gag gag tat ctc agg atg gtc gag ctg aag acc gga gtg Val Ser Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val Glu Leu Lys Thr Gly Val 160 165 170 175			527
ctg att gca gct tct gca gca tta cct gcg gtg ctt ttt ggg gag agc Leu Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala Val Leu Phe Gly Glu Ser 180 185 190			575
gag gaa att gta aag gcg ctg tgg gac tac gga gtt ctt agc ggt att Glu Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr Gly Val Leu Ser Gly Ile 195 200 205			623
ggc ttc cag atc cag gac gac ctg ctt gac ctg act gag gag acc gga Gly Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp Leu Thr Glu Glu Thr Gly 210 215 220			671
aag gac tgg gga agc gac ctg ctt aaa ggg aag aaa acc ctg att gtc Lys Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Thr Leu Ile Val 225 230 235			719
ata aag gcg ttc gaa aag gga gtg aag cta aag acg ttt gga aag gaa Ile Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu Lys Thr Phe Gly Lys Glu 240 245 250 255			767
aag gcg gac gtc tct gag att aga gat gat atc gaa aag tta aga gag Lys Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu 260 265 270			815
tgt ggt gcg att gat tac gct gcc agc atg gca aga aag atg gct gaa Cys Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met Ala Arg Lys Met Ala Glu 275 280 285			863
gag gcg aaa aga aag ctc gaa gtt ctg cct gaa agc aaa gcc aag gaa Glu Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro Glu Ser Lys Ala Lys Glu 290 295 300			911
aca ctg ctg gaa ctt acc gac ttc ttg gtt aca aga aaa aag tga Thr Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val Thr Arg Lys Lys 305 310 315			956
aagctt			962

<210> 35

<211> 317

<212> PRT

<213> Archaeoglobus fulgidus

<400> 35

Met Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg Ala Glu Ile Ile Asn Lys Ala
1 5 10 15

Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu Pro Ile Gly Leu Tyr Lys Ala
 20 25 30

Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Gly Lys Arg Leu Arg Pro Val Ile
 35 40 45

Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly Lys Asp Tyr Arg Lys Ile Ile
 50 55 60

Pro Ala Ala val Ser Ile Glu Thr Ile His Asn Phe Thr Leu Val His
 65 70 75 80

Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met Arg Arg Gly Val Pro Thr Val
 85 90 95

His Arg Val Tyr Gly Glu Ala Thr Ala Ile Leu Ala Gly Asp Thr Leu
 100 105 110

Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr Lys Cys Asp Val Glu Ser Glu
 115 120 125

Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu Ser Asp Val Cys Ile Lys Ile
 130 135 140

Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser Phe Glu Lys Lys Glu Ser Val
 145 150 155 160

Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val Glu Leu Lys Thr Gly Val Leu
 165 170 175

Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala Val Leu Phe Gly Glu Ser Glu
 180 185 190

Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr Gly Val Leu Ser Gly Ile Gly
 195 200 205

Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp Leu Thr Glu Glu Thr Gly Lys
 210 215 220

Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Lys Thr Leu Ile Val Ile
 225 230 235 240

Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu Lys Thr Phe Gly Lys Glu Lys
 245 250 255

Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu Cys
 260 265 270

Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met Ala Arg Lys Met Ala Glu Glu
 275 280 285

Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro Glu Ser Lys Ala Lys Glu Thr
 290 295 300

Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val Thr Arg Lys Lys
 305 310 315

<210> 36

<211> 1293

<212> DNA

<213> *Archaeoglobus fulgidus*

<220>

<221> CDS

<222> (206)..(1159)

<223>

<400> 36
 taaaacgacg gccagtgagc gcgcgtaata cgactcacta tagggcgaat tgggtaccgg 60
 gccccccctc gacgcccgtcg ttcaatgaga atggataaga ggctcgtggg attgacgtga 120
 gggggcaggg atggctataat ttctgggagc gaactccggg cgaggatcta gttgtaggg 180
 gggattcatg acaccacaaa cagcc atg gtg aag gag gaa ata gcg aaa agg 232
 Met Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg
 1 5
 gcc gaa ata atc aac aaa gcc att gaa gag ctt ctg ccc gaa agg gag 280
 Ala Glu Ile Ile Asn Lys Ala Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu
 10 15 20 25
 ccg att gga ctc tac aaa gcc gca agg cat ctg atc aaa gca ggt ggc 328
 Pro Ile Gly Leu Tyr Lys Ala Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Gly
 30 35 40
 aag agg cta agg cct gta ata agc ctc tta gca gtc gaa gcc ctt ggg 376
 Lys Arg Leu Arg Pro Val Ile Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly
 45 50 55
 aaa gac tac aga aag att atc ccg gct gct gtc agc att gaa aca atc 424
 Lys Asp Tyr Arg Lys Ile Ile Pro Ala Ala Val Ser Ile Glu Thr Ile
 60 65 70
 cac aac ttc acc ctc gtg cat gac gac ata atg gac agg gac gag atg 472
 His Asn Phe Thr Leu Val His Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met
 75 80 85
 agg agg gga gtt ccg acg gta cac agg gtt tat ggg gaa gcg acg gcc 520
 Arg Arg Gly Val Pro Thr Val His Arg Val Tyr Gly Glu Ala Thr Ala
 90 95 100 105
 att tta gca ggc gac aca ctc ttt gct gaa gcc ttc aag ctg ctg aca 568
 Ile Leu Ala Gly Asp Thr Leu Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr
 110 115 120

aag tgc gat gtt gag agc gag gga atc aga aaa gct aca gaa atg ctt	616
Lys Cys Asp Val Glu Ser Glu Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu	
125 130 135	
tcg gac gtt tgc ata aaa ata tgc gag ggg cag tac tac gac atg agc	664
Ser Asp Val Cys Ile Lys Ile Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser	
140 145 150	
ttt gag aaa aag gag agc gtt tcc gag gag gag tat ctc agg atg gtc	712
Phe Glu Lys Lys Glu Ser Val Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val	
155 160 165	
gag ctg aag acc gga gtg ctg att gca gct tct gca gca tta cct gcg	760
Glu Leu Lys Thr Gly Val Leu Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala	
170 175 180	
gtg ctt ttt ggg gag agc gag gaa att gta aag gcg ctg tgg gac tac	808
Val Leu Phe Gly Glu Ser Glu Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr	
190 195 200	
gga gtt ctt agc ggt att ggc ttc cag atc cag gac gac ctg ctt gac	856
Gly Val Leu Ser Gly Ile Gly Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp	
205 210 215	
ctg act gag gag acc gga aag gac tgg gga agc gac ctg ctt aaa ggg	904
Leu Thr Glu Glu Thr Gly Lys Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly	
220 225 230	
aag aaa acc ctg att gtc ata aag gcg ttc gaa aag gga gtg aag cta	952
Lys Lys Thr Leu Ile Val Ile Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu	
235 240 245	
aag acg ttt gga aag gaa aag gcg gac gtc tct gag att aga gat gat	1000
Lys Thr Phe Gly Lys Glu Lys Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp	
250 255 260 265	
atc gaa aag tta aga gag tgt ggt gcg att gat tac gct gcc agc atg	1048
Ile Glu Lys Leu Arg Glu Cys Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met	
270 275 280	
gca aga aag atg gct gaa gag gcg aaa aga aag ctc gaa gtt ctg cct	1096
Ala Arg Lys Met Ala Glu Glu Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro	
285 290 295	
gaa agc aaa gcc aag gaa aca ctg ctg gaa ctt acc gac ttc ttg gtt	1144
Glu Ser Lys Ala Lys Glu Thr Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val	
300 305 310	
aca aga aaa aag tga aagttcaat tgcattctct agatgatcaa agaattcctg	1199
Thr Arg Lys Lys	
315	
gcctagtcta taggaggttt tgaaaagaaa ggagcaataa tcattttctt gttctatcaa	1259
gagggtgcta ttgctccctt cttttttct cgag	1293

<210> 37

<211> 317

<212> PRT

<213> Archaeoglobus fulgidus

<400> 37

Met Val Lys Glu Glu Ile Ala Lys Arg Ala Glu Ile Ile Asn Lys Ala
 1 5 10 15

Ile Glu Glu Leu Leu Pro Glu Arg Glu Pro Ile Gly Leu Tyr Lys Ala
 20 25 30

Ala Arg His Leu Ile Lys Ala Gly Gly Lys Arg Leu Arg Pro Val Ile
 35 40 45

Ser Leu Leu Ala Val Glu Ala Leu Gly Lys Asp Tyr Arg Lys Ile Ile
 50 55 60

Pro Ala Ala Val Ser Ile Glu Thr Ile His Asn Phe Thr Leu Val His
 65 70 75 80

Asp Asp Ile Met Asp Arg Asp Glu Met Arg Arg Gly Val Pro Thr Val
 85 90 95

His Arg Val Tyr Gly Glu Ala Thr Ala Ile Leu Ala Gly Asp Thr Leu
 100 105 110

Phe Ala Glu Ala Phe Lys Leu Leu Thr Lys Cys Asp Val Glu Ser Glu
 115 120 125

Gly Ile Arg Lys Ala Thr Glu Met Leu Ser Asp Val Cys Ile Lys Ile
 130 135 140

Cys Glu Gly Gln Tyr Tyr Asp Met Ser Phe Glu Lys Lys Glu Ser Val
 145 150 155 160

Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Arg Met Val Glu Leu Lys Thr Gly Val Leu
 165 170 175

Ile Ala Ala Ser Ala Ala Leu Pro Ala Val Leu Phe Gly Glu Ser Glu
 180 185 190

Glu Ile Val Lys Ala Leu Trp Asp Tyr Gly Val Leu Ser Gly Ile Gly
 195 200 205

Phe Gln Ile Gln Asp Asp Leu Leu Asp Leu Thr Glu Glu Thr Gly Lys
 210 215 220

Asp Trp Gly Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Lys Thr Leu Ile Val Ile
 225 230 235 240

Lys Ala Phe Glu Lys Gly Val Lys Leu Lys Thr Phe Gly Lys Glu Lys
 245 250 255

Ala Asp Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu Cys
 260 265 270

Gly Ala Ile Asp Tyr Ala Ala Ser Met Ala Arg Lys Met Ala Glu Glu
275 280 285

Ala Lys Arg Lys Leu Glu Val Leu Pro Glu Ser Lys Ala Lys Glu Thr
290 295 300

Leu Leu Glu Leu Thr Asp Phe Leu Val Thr Arg Lys Lys
305 310 315

<210> 38

<211> 35

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(35)

<223>

<400> 38

gagctttca ttatttcgat tttgatttcg tgacc

35

<210> 39

<211> 44

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(44)

<223>

<400> 39

aagtttggac tcgggttgc agaagaagaa gaagaagatg aact

44

<210> 40

<211> 653

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(653)

<223>

<400> 40	
gagctcttca ttatttcgat tttgatttcg tgaccagcga acgcagaata ccttgggtg	60
taatacttta cccgtgtaaa tcaaaaacaa aaaggcttt gagcttttg tagttaatt	120
tctctggctg atctttctg tacagattca tatatctgca gagacgatat cattgattat	180
tttagcttct tttgaactat ttcgtgtaat ttggatgag agctctatgt atgtgtgtaa	240
actttgaaga caacaagaaa ggtacaagt gagggaggga tgactccatg tcaaaataga	300
tgtcataaga ggcccatcaa taagtgttg agcccattag ctagcccagt aactaccaga	360
ttgtgagatg gatgtgtgaa cagtttttt tttgatgttag gactgaaatg tgaacaacag	420
gcgcatgaaa ggctaaatata ggacaatgat aagcagaaat aacttacccct ctctaacact	480
tggcctcaca ttgccccttca cacaatccac acacatccaa tcacaacccct atcatatatc	540
tcccgctaat cttttttct ttgatctttt ttttttgct tattatttt ttgactttga	600
tctcccatca gttcatcttc ttcttcttct tctgatcaac cgagctcaag ctt	653

<210> 41

<211> 28

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(28)

<223>

<400> 41	
gagctcaactc actgatttcc attgcttg	28

<210> 42

<211> 30

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(30)

<223>

<400> 42
aagcttgagc tctttgttga agagatgg

30

<210> 43

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(37)

<223>

<400> 43
cgccgttaag tcgatgtccg ttgatttaaa cagtgtc

37

<210> 44

<211> 34

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(34)

<223>

<400> 44
atcaacggac atcgacttaa cggcgtttgt aaac

34

<210> 45

<211> 783

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(783)

<223>

<400> 45						
gagctcactc	actgatttcc	attgcttcaa	aattgatgt	gaactaagat	caatccatgt	60
tagtttcaaa	acaacagtaa	ctgtggccaa	cttagtttg	aaacaacact	aactggtcga	120
agcaaaaaga	aaaaagagtt	tcatcatata	tctgatttga	tggactgttt	ggagittagga	180
ccaaacatta	tctacaaaca	aagacttttc	tcctaacttg	tgattccttc	ttaaacccta	240
ggggtaatat	tctatttcc	aaggatctt	agttaaaggc	aaatccggga	aattattgt	300
atcatttggg	gaaacatata	aaagatttga	gttagatgga	agtgacgatt	aatccaaaca	360
tatatatctc	tttcttctta	tttcccaa	taacagacaa	aagtagaata	ttggctttt	420
acaccaatat	aaaaacttgc	ttcacaccta	aacactttt	tttactttag	ggtaagtgca	480
aaaagccaac	caaatccacc	tgcactgatt	tgacgtttac	aaacgcccgtt	aagtcgatgt	540
ccgtttagtt	aaacagtgtc	ttgtaattaa	aaaaatcagt	ttacataat	ggaaaattta	600
tcacttagtt	ttcatcaact	tctgaactt	cctttcatgg	attaggcaat	actttccatt	660
tttagtaact	caagtggacc	cttacttct	tcaactccat	ctctctctt	ctatttcact	720
tctttcttct	cattatatct	cttgcctct	ccaccaaatc	tcttcaacaa	agagctcaag	780
ctt						783

<210> 46

<211> 804

<212> DNA

<213> *Synechococcus WH8102*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(804)

<223>

<400> 46

atg aaa acg aca aga tct att tcg tgg cca tcg act tgc tgg cat cac	48
Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His	
1 5 10 15	
cag ccg agt tgc tca agc tgg gtg gca aat gag ttc agc cct cag gcc	96
Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala	
20 25 30	
ctc aaa ggg ttg gct ctg gct ggt ctg att gga tca gcc tgg ctg ctc	144
Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu	
35 40 45	
tcc ctg ggc ctg agc tac acc ctg cca ctt gat cag acg cct ggg ctg	192
Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu	
50 55 60	
ttg att ggc agc ttg att ctg ctc aga gca ttt ctg cac acc ggg ctg	240
Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Leu Arg Ala Phe Leu His Thr Gly Leu	
65 70 75 80	
ttc atc gtt gcc cac gat tcc atg cac gcc agt ctg gtt ccg ggt cat	288
Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His	
85 90 95	
ccc gga ttg aac cgc tgg atc ggc aaa gtg tat ttg ttg gtg tat gca	336
Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala	
100 105 110	
ggc ttg tct tat gag cgt tgt tcc cgc aac cac aga cgt cat cac ctg	384
Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu	
115 120 125	
gca ccg gag acg ttc cag gat cct gac tac caa cgt tgc acc aat aac	432
Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn	
130 135 140	
aac atc cta gat tgg tat gtt cac ttc atg ggc aac tat ctg ggc atg	480
Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met	
145 150 155 160	
ccg caa ctg tta aat cta agc tgt ctt tgg ctg gcg cta atc att ctc	528
Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu	
165 170 175	
aac ggt tct gat ctc cct gct cag atc atg cat ctg ctg ttg ttc agc	576
Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser	
180 185 190	
gtt ctg ccg ttg atc atc agt tcc tgt caa ttg ttt cta gtg gga acc	624
Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr	
195 200 205	
tgg tta ccc cac cga cgt ggg gcc acg aca cga ccg ggc gtg aca acg	672
Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr	
210 215 220	
cgc agc ctg gct ttg cat cca gcc ctc tct ttc gca gct tgt tac aac	720
Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn	
225 230 235 240	
ttt ggc tat cat cgt gaa cat cat gaa tcg cct tcc aca ccc tgg ttt	768
Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe	
245 250 255	
cag ctg cca caa ctt cga aat gaa tca ttc act tga	804
Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr	
260 265	

<210> 47

<211> 267

<212> PRT

<213> Synechococcus WH8102

<400> 47

Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His
 1 5 10 15

Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala
 20 25 30

Leu Lys Gly Leu Ala Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu
 35 40 45

Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu
 50 55 60

Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Leu Arg Ala Phe Leu His Thr Gly Leu
 65 70 75 80

Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His
 85 90 95

Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala
 100 105 110

Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu
 115 120 125

Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn
 130 135 140

Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met
 145 150 155 160

Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu
 165 170 175

Asn Gln Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser
 180 185 190

Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr
 195 200 205

Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr
 210 215 220

Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn
225 230 235 240

Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe
245 250 255

Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr
260 265

<210> 48

<211> 804

<212> DNA

<213> Künstliche Variante

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(804)

<223>

<400> 48		
atg aaa acg aca aga tct att tcg tgg cca tcg act tgc tgg cat cac		48
Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His		
1 5 10 15		
cag ccg agt tgc tca agc tgg gtg gca aat gag ttc agc cct cag gcc		96
Gln Pro Ser Cys Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala		
20 25 30		
ctc aaa ggg ttg gct ctg gct ggt ctg att gga tca gcc tgg ctg ctc		144
Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu		
35 40 45		
tcc ctg ggc ctg agc tac acc ctg cca ctt gat cag acg cct ggg ctg		192
Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu		
50 55 60		
ttg att ggc agc ttg att ctg tgg cag acc ttt ctg cac acc ggg ctg		240
Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Trp Gln Thr Phe Leu His Thr Gly Leu		
65 70 75 80		
tcc atc gtt gcc cac gat tcc atg cac gcc agt ctg gtt ccg ggt cat		288
Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His		
85 90 95		
ccc gga ttg aac cgc tgg atc ggc aaa gtg tat ttg ttg gtg tat gca		336
Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala		
100 105 110		
ggc ttg tct tat gag cgt tgt tcc cgc aac cac aga cgt cat cac ctg		384
Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu		
115 120 125		
gca ccg gag acg ttc cag gat cct gac tac caa cgt tgc acc aat aac		432
Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn		

130	135	140	
aac atc cta gat tgg tat gtt cac ttc atg ggc aac tat ctg ggc atg Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met 145 150 155 160			480
cg ^g caa ctg tta aat cta agc tgt ctt tgg ctg gcg cta atc att ctc Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu 165 170 175			528
aac ggt tct gat ctc cct gct cag atc atg cat ctg ctg ttg ttc agc Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser 180 185 190			576
gtt ctg ccg ttg atc atc agt tcc tgt caa ttg ttt cta gtg gga acc Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr 195 200 205			624
tgg tta ccc cac cga cgt ggg gcc acg aca cga ccg ggc gtg aca acg Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr 210 215 220			672
cgc agc ctg gct ttg cat cca gcc ctc tct ttc gca gct tgt tac aac Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn 225 230 235 240			720
ttt ggc tat cat cgt gaa cat cat gaa tcg cct tcc aca ccc tgg ttt Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe 245 250 255			768
cag ctg cca caa ctt cga aat gaa tca ttc act tga Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr 260 265			804

<210> 49

<211> 267

<212> PRT

<213> Künstliche Variante

<400> 49

Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His	
1 5 10 15	

Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala	
20 25 30	

Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu	
35 40 45	

Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu	
50 55 60	

Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Trp Gln Thr Phe Leu His Thr Gly Leu	
65 70 75 80	

Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His	
---	--

85

90

95

Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala
 100 105 110

Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Leu
 115 120 125

Ala Pro Glu Thr Phe Gln Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn
 130 135 140

Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met
 145 150 155 160

Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu
 165 170 175

Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser
 180 185 190

Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr
 195 200 205

Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr
 210 215 220

Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn
 225 230 235 240

Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe
 245 250 255

Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr
 260 265

<210> 50

<211> 804

<212> DNA

<213> Künstliche Variante

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(804)

<223>

<400> 50

atg aaa acg aca aga tct att tcg tgg cca tcg act tgc tgg cat cac Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His 1 5 10 15	48
cag ccg agt tgc tca agc tgg gtc gca aat gag ttc agc cct cag gcc Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala 20 25 30	96
ctc aaa ggg ttg gct ctg gct ggt ctg att gga tca gcc tgg ctg ctc Leu Lys Gly Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu 35 40 45	144
tcc ctg ggc ctg agc tac acc ctg cca ctt gat cag acg cct ggg ctg Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu 50 55 60	192
ttg att ggc agc ttg att ctg ctc aga gca ttt ctg cac acc ggg ctg Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Leu Arg Ala Phe Leu His Thr Gly Leu 65 70 75 80	240
ttc atc gtt gcc cac gat tcc atg cac gcc agt ctg gtt ccg ggt cat Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His 85 90 95	288
ccc gga ttg aac cgc tgg atc ggc aaa gtg tat ttg ttg gtg tat gca Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala 100 105 110	336
ggc ttg tct tat gag cgt tgt tcc cgc aac cac aga cgt cat cac gga Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Gly 115 120 125	384
cat cct ggt act gat tta gat cct gac tac caa cgt tgc acc aat aac His Pro Gly Thr Asp Leu Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn 130 135 140	432
aac atc cta gat tgg tat gtt cac ttc atg ggc aac tat ctg ggc atg Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met 145 150 155 160	480
cgg caa ctg tta aat cta agc tgt ctt tgg ctg gcg cta atc att ctc Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu 165 170 175	528
aac ggt tct gat ctc cct gct cag atc atg cat ctg ctg ttg ttc agc Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser 180 185 190	576
gtt ctg ccg ttg atc atc agt tcc tgt caa ttg ttt cta gtg gga acc Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr 195 200 205	624
tgg tta ccc cac cga cgt ggg gcc acg aca cga ccg ggc gtg aca acg Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr 210 215 220	672
cgc agc ctg gct ttg cat cca gcc ctc tct ttc gca gct tgt tac aac Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn 225 230 235 240	720
ttt ggc tat cat cgt gaa cat cat gaa tcg cct tcc aca ccc tgg ttt Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe 245 250 255	768
cag ctg cca caa ctt cga aat gaa tca ttc act tga Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr 260 265	804

<210> 51

<211> 267

<212> PRT

<213> Künstliche Variante

<400> 51

Met Lys Thr Thr Arg Ser Ile Ser Trp Pro Ser Thr Cys Trp His His
1 5 10 15Gln Pro Ser Cys Ser Ser Trp Val Ala Asn Glu Phe Ser Pro Gln Ala
20 25 30Leu Lys Gly Leu Ala Ala Gly Leu Ile Gly Ser Ala Trp Leu Leu
35 40 45Ser Leu Gly Leu Ser Tyr Thr Leu Pro Leu Asp Gln Thr Pro Gly Leu
50 55 60Leu Ile Gly Ser Leu Ile Leu Leu Arg Ala Phe Leu His Thr Gly Leu
65 70 75 80Phe Ile Val Ala His Asp Ser Met His Ala Ser Leu Val Pro Gly His
85 90 95Pro Gly Leu Asn Arg Trp Ile Gly Lys Val Tyr Leu Leu Val Tyr Ala
100 105 110Gly Leu Ser Tyr Glu Arg Cys Ser Arg Asn His Arg Arg His His Gly
115 120 125His Pro Gly Thr Asp Leu Asp Pro Asp Tyr Gln Arg Cys Thr Asn Asn
130 135 140Asn Ile Leu Asp Trp Tyr Val His Phe Met Gly Asn Tyr Leu Gly Met
145 150 155 160Arg Gln Leu Leu Asn Leu Ser Cys Leu Trp Leu Ala Leu Ile Ile Leu
165 170 175Asn Gly Ser Asp Leu Pro Ala Gln Ile Met His Leu Leu Leu Phe Ser
180 185 190Val Leu Pro Leu Ile Ile Ser Ser Cys Gln Leu Phe Leu Val Gly Thr
195 200 205Trp Leu Pro His Arg Arg Gly Ala Thr Thr Arg Pro Gly Val Thr Thr
210 215 220

Arg Ser Leu Ala Leu His Pro Ala Leu Ser Phe Ala Ala Cys Tyr Asn
225 230 235 240

Phe Gly Tyr His Arg Glu His His Glu Ser Pro Ser Thr Pro Trp Phe
245 250 255

Gln Leu Pro Gln Leu Arg Asn Glu Ser Phe Thr
260 265

Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Organismen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität aufweisen, und die veränderte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Organismen verwendet, die als Wildtyp bereits eine Ketolase-Aktivität aufweisen, und die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp bewirkt.
3. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Ketolase-Aktivität die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht.
4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression Nukleinsäuren in den Organismus einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
5. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Organismen verwendet, die als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität aufweisen und die genetische Veränderung eine Ketolase-Aktivität im Vergleich zum Wildtyp verursacht.
6. Verfahren nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, dass man genetisch veränderte Organismen verwendet, die transgen eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, exprimieren.
7. Verfahren nach Anspruch 5 oder 6, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in die Organismen einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.
8. Verfahren nach Anspruch 5 oder 7, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 1 einbringt.
9. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass die Organismen zusätzlich gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und β -Cyclase-Aktivität, aufweisen.
10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, dass man zur zusätzlichen Erhöhung mindestens einer der Aktivitäten, die Genexpression mindestens einer Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase, und Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase, gegenüber dem Wildtyp erhöht.

11. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression mindestens eine Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxylase und Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase in den Organismus einbringt.

12. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase, Nukleinsäuren einbringt, die eine Hydroxylase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 16 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 16 aufweist.

13. Verfahren nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 15 einbringt.

14. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure, kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren einbringt, die eine β -Cyclase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 18 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 18 aufweist.

15. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 17 einbringt.

16. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 15, dadurch gekennzeichnet, dass man nach dem Kultivieren die genetisch veränderten Organismen erntet und anschließend die Ketocarotinoide aus den Organismen isoliert.

17. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 16, dadurch gekennzeichnet daß man als Organismus einen Organismus verwendet, der als Ausgangsorganismus natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung oder Umregulierung von Stoffwechselwegen in der Lage ist, Carotinoide herzustellen.

18. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 17, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organismen Mikroorganismen oder Pflanzen verwendet.

19. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, daß man als Mikroorganismen Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze verwendet.

20. Verfahren nach Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe Escherichia, Erwinia, Agrobacterium, Flavobacterium, Alcaligenes, Paracoccus, Nostoc, Cyanobakterien der Gattung Synechocystis, Candida, Saccharomyces, Hansenula, Phaffia, Pichia, Aspergillus, Trichoderma, Ashbya, Neurospora, Blakeslea, Phycomyces, Fusarium, Haematococcus, Phaedactylum tricomatum, Volvox oder Dunaliella.

21. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organismus Pflanzen verwendet.

22. Verfahren nach Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze eine Pflanze, ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Lianeae, Vitaceae, Brassiceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iilliaceae oder Lamiaceae verwendet.

23. Verfahren nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze eine Pflanze, ausgewählt aus den Pflanzengattungen Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Acacia, Aconitum, Adonis, Arnica, Aquilegia, Aster, Astragalus, Bignonia, Calendula, Caltha, Campanula, Canna, Centaurea, Cheiranthus, Chrysanthemum, Citrus, Crepis, Crocus, Curcurbita, Cytisus, Delonia, Delphinium, Dianthus, Dimorphotheca, Doronicum, Eschscholzia, Forsythia, Fremontia, Gazania, Gelsemium, Genista, Gentiana, Geranium, Gerbera, Geum, Grevillea, Helenium, Helianthus, Hepatica, Heracleum, Hibiscus, Heliopsis, Hypericum, Hypochoeris, Impatiens, Iris, Jacaranda, Kerria, Labium, Lathyrus, Leontodon, Lilium, Linum, Lotus, Lycopersicon, Lysimachia, Maratia, Medicago, Mimulus, Narcissus, Oenothera, Osmanthus, Petunia, Photinia, Physalis, Phytema, Potentilla, Pyracantha, Ranunculus, Rhododendron, Rosa, Rudbeckia, Senecio, Silene, Silphium, Sisnapsis, Sorbus, Spartium, Tecoma, Torenia, Tragopogon, Trollius, Tropaeolum, Tulipa, Tussilago, Ulex, Viola

oder Zinnia verwendet.

24. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 23, dadurch gekennzeichnet, dass die Ketocarotinoide ausgewählt sind aus der Gruppe Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin.

25. Genetisch veränderter Organismus, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase A für den Fall, dass der Wildtyporganismus bereits eine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und

B für den Fall, dass der Wildtyporganismus keine Ketolase-Aktivität aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht

und die nach A erhöhte oder nach B verursachte Ketolase-Aktivität durch eine Ketolase verursacht wird, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

26. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, dass die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, gegenüber dem Wildtyp bewirkt wird.

27. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 26, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung oder Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in den Organismus einbringt, die Ketolasen kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

28. Genetisch veränderter Organismus, enthaltend mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

29. Genetisch veränderter Organismus, enthaltend mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 42% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist.

30. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 29, dadurch gekennzeichnet, dass die genetische Veränderung zusätzlich mindestens eine der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und β-Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp erhöht.

31. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 30, dadurch gekennzeichnet daß er als Ausgangsorganismus natürlicherweise oder durch genetische Komplementierung in der Lage ist, Carotinoide herzustellen.

32. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 31, ausgewählt aus der Gruppe Mikroorganismen oder Pflanzen.

33. Genetisch veränderter Mikroorganismus nach Anspruch 32, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe Bakterien, Hefen, Algen oder Pilze.

34. Genetisch veränderter Mikroorganismus nach Anspruch 33, dadurch gekennzeichnet, daß die Mikroorganismen ausgewählt sind aus der Gruppe Escherichia, Erwinia, Agrobacterium, Flavobacterium, Alcaligenes, Paracoccus, Nostoc, Cyanobakterien der Gattung Synechocystis, Candida, Saccharomyces, Hansenula, Pichia, Aspergillus, Trichoderma, Ashbya, Neurospora, Blakeslea, Phycomyces, Fusarium, Haematococcus, Phaedactylum tricomatum, Volvox oder Dunaliella.

35. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 32, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanzen ausge-

wählt sind aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassiceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae verwendet.

36. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 35, dadurch gekennzeichnet, dass Pflanzen ausgewählt sind aus den Pflanzengattungen Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Acacia, Aconitum, Adonis, Arnica, Aquilegia, Aster, Astragalus, Bignonia, Calendula, Caltha, Campanula, Canna, Centaurea, Cheiranthus, Chrysanthemum, Citrus, Crepis, Crocus, Curcurbita, Cytisus, Delonia, Delphinium, Dianthus, Dimorphotheca, Doronicum, Eschscholtzia, Forsythia, Fremontia, Gazania, Gelsemium, Genista, Gentiana, Geranium, Gerbera, Geum, Grevillea, Helenium, Helianthus, Hepatica, Heracleum, Hibiscus, Heliopsis, Hypericum, Hypochoeris, Impatiens, Iris, Jacaranda, Kerria, Laburnum, Lathyrus, Leontodon, Lilium, Linum, Lotus, Lycopersicon, Lysimachia, Maratia, Medicago, Mimulus, Narcissus, Oenothera, Osmanthus, Petunia, Photinia, Physalis, Phytema, Potentilla, Pyracantha, Ranunculus, Rhododendron, Rosa, Rudbeckia, Senecio, Silene, Silphium, Sisnopsis, Sorbus, Spartium, Tecoma, Torenia, Tragopogon, Trollius, Tropaeolum, Tulipa, Tussilago, Ulex, Viola oder Zinnia verwendet.

37. Verwendung der genetisch veränderten Organismen nach einem der Ansprüche 25 bis 36 als Futter- oder Nahrungsmittel.

38. Verwendung der genetisch veränderten Organismen nach einem der Ansprüche 25 bis 36 zur Herstellung von Ketocarotinoid-haltigen Extrakten oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmittel.

39. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 8 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 8 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 4 nicht enthalten ist.

40. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 aufweist.

41. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 12 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 12 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 6 nicht enthalten ist.

42. Ketolase, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 49 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 49 aufweist, mit der Maßgabe, dass die Aminosäuresequenzen SEQ ID NO: 47 nicht enthalten ist.

43. Nukleinsäure, kodierend ein Protein gemäß einem der Ansprüche 39 bis 42, mit der Maßgabe, dass die Sequenz SEQ ID NO: 5 nicht enthalten ist.

44. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 70% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 4 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

45. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 65% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 6 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

46. Verwendung eines Proteins, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 47 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 50% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 47 und die Eigenschaft einer Ketolase aufweist, als Ketolase.

Es folgen 6 Blatt Zeichnungen

Anhängende Zeichnungen

Abbildung 1

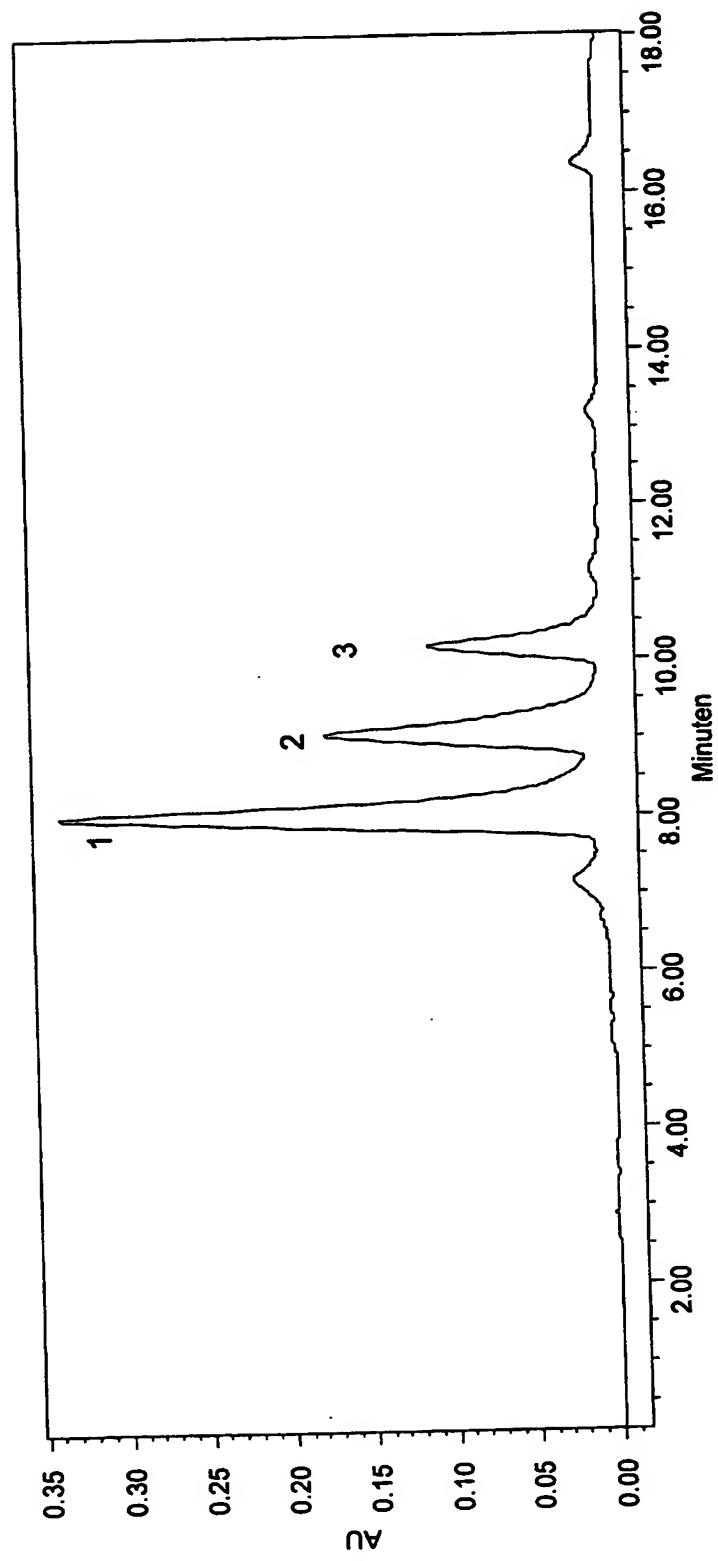


Abbildung 2

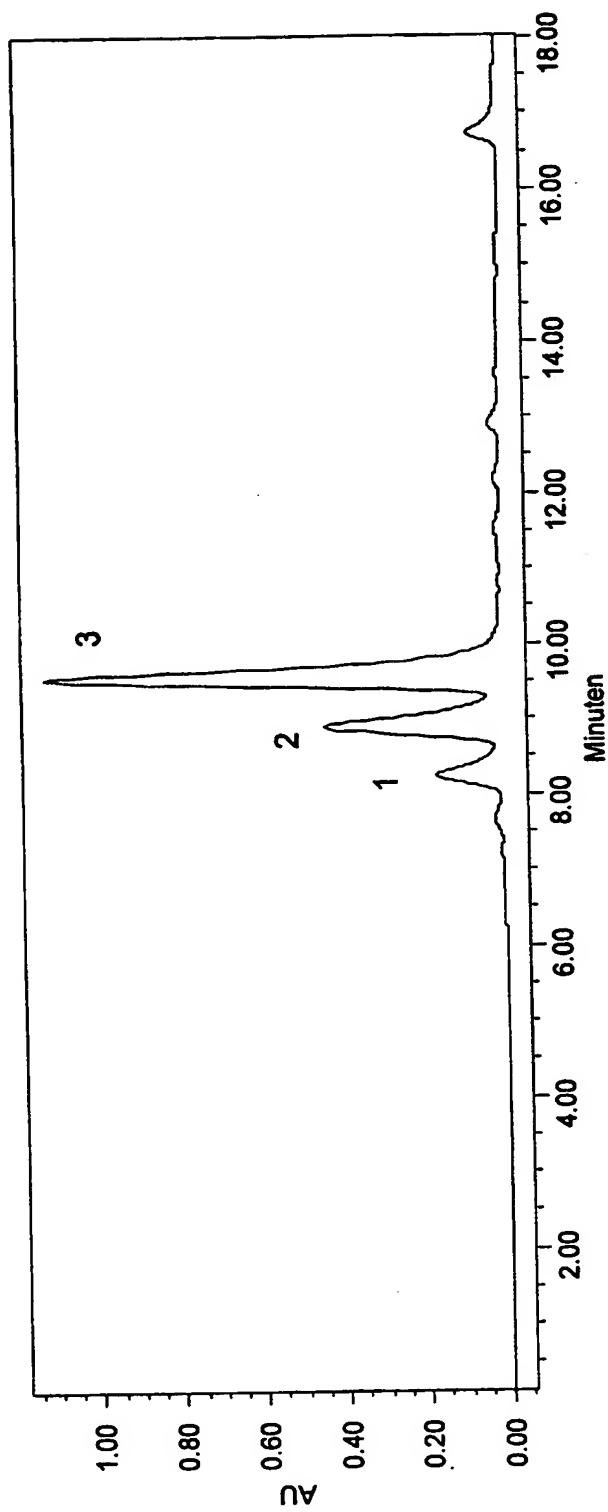
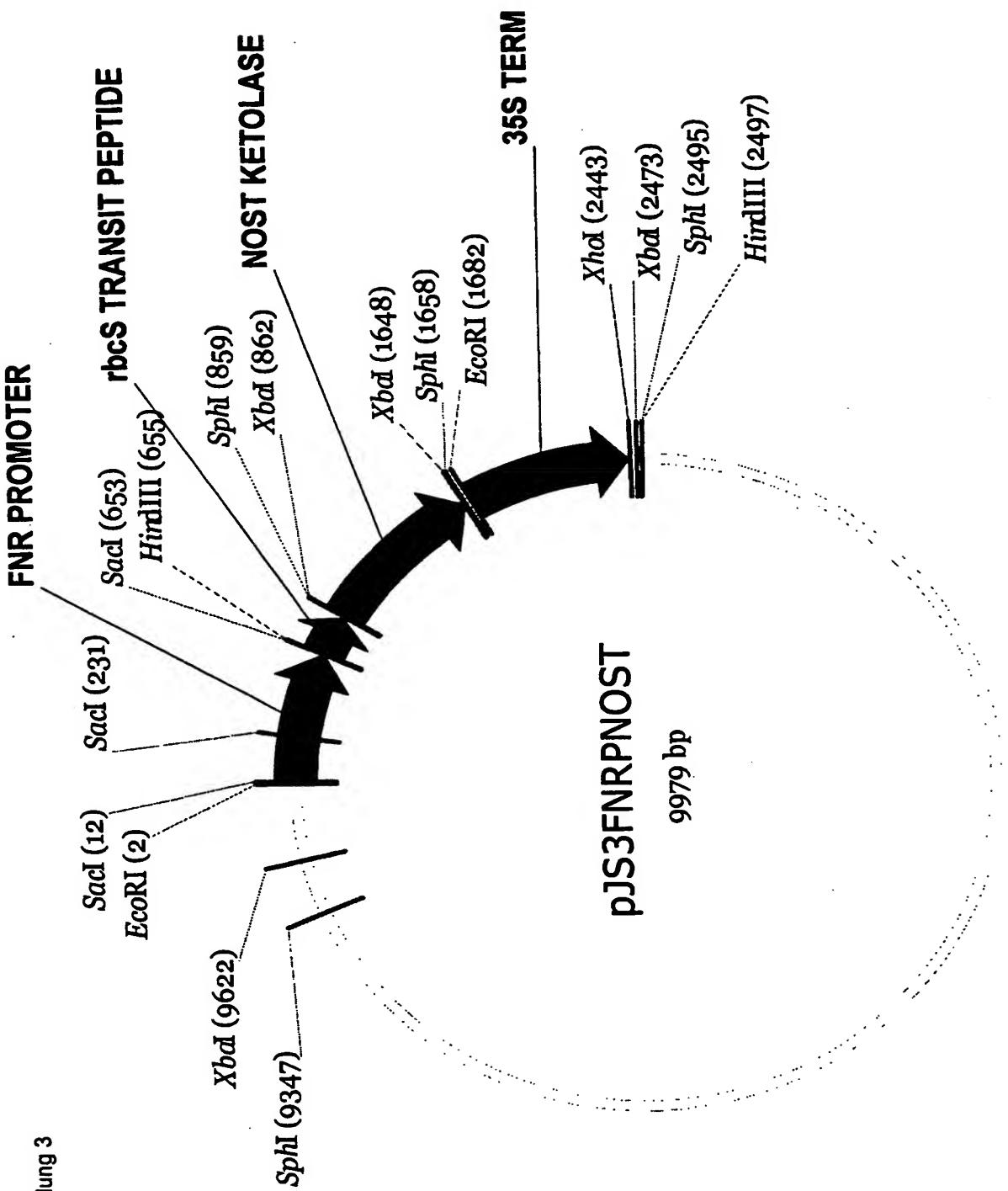


Abbildung 3



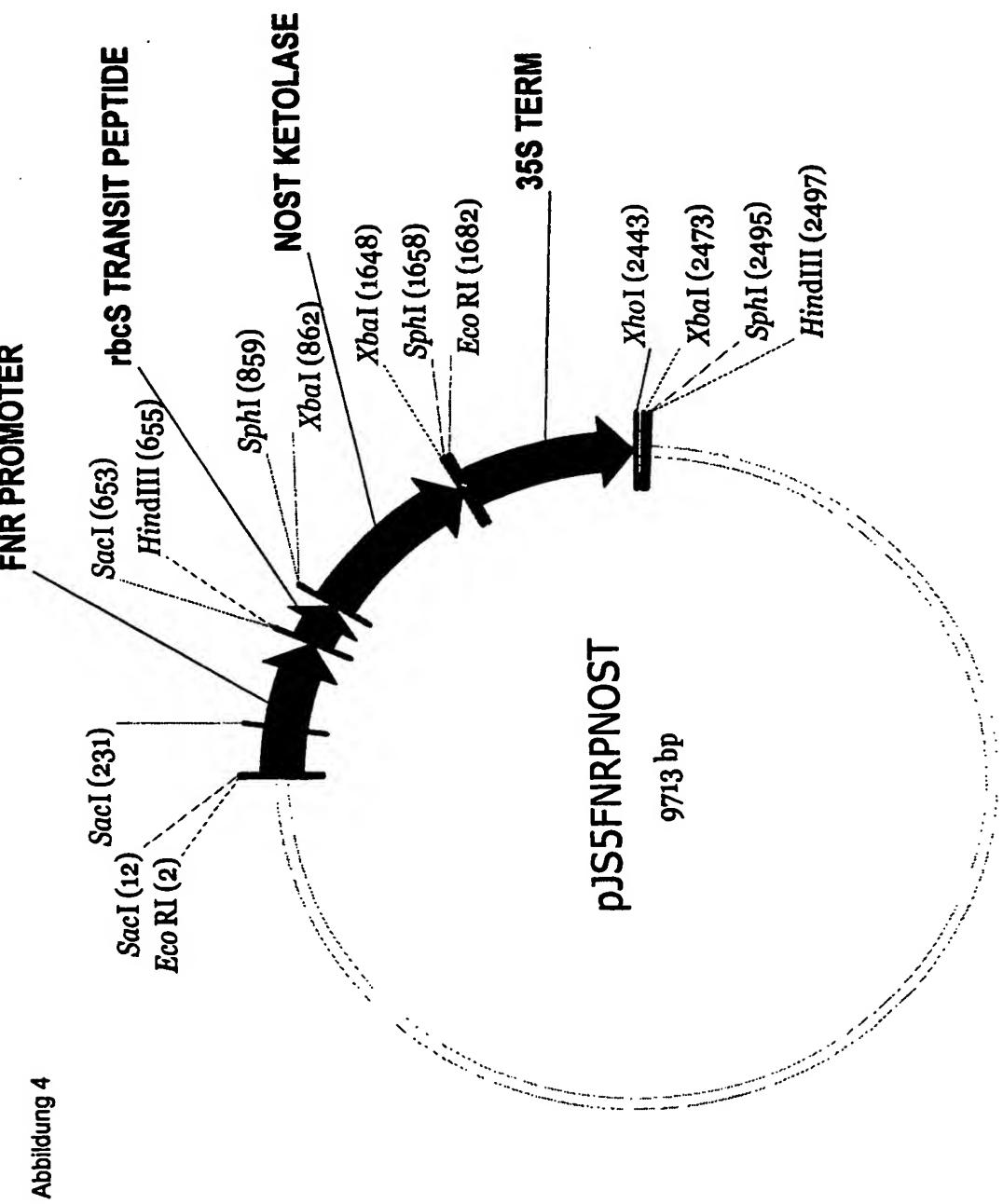


Abbildung 5

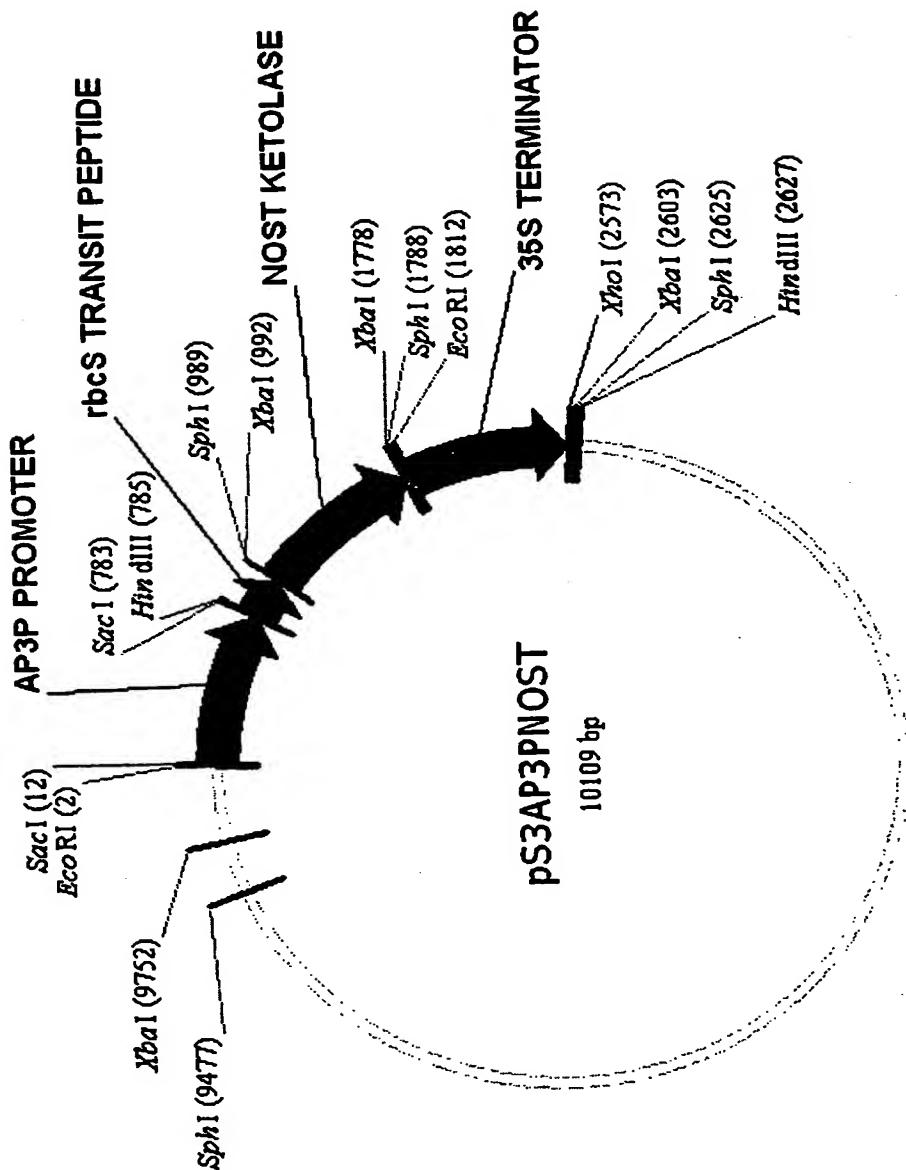
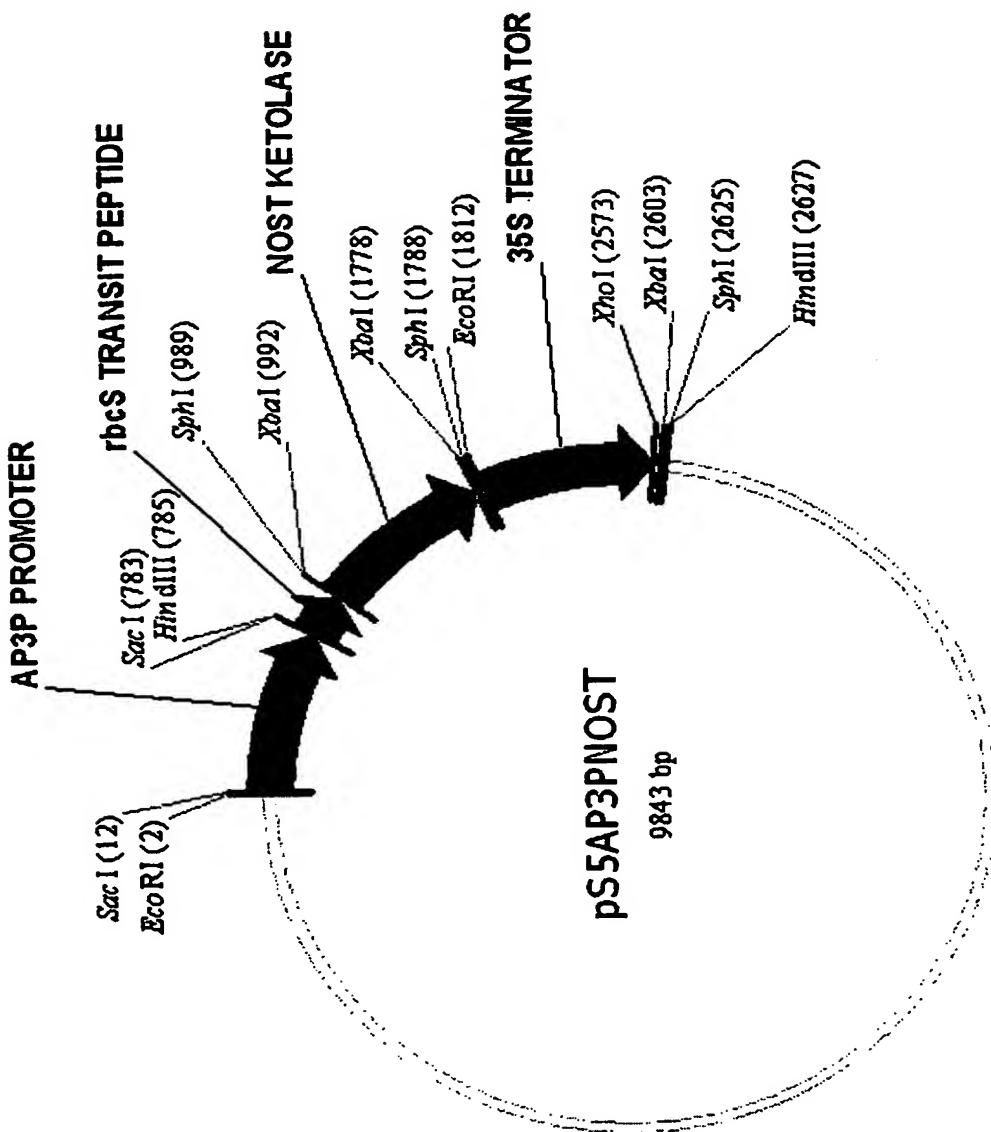


Abbildung 6



THIS PAGE BLANK (USPTO)